



TESIS-SM 142501

**ANALISIS PERSISTENSI DAN STABILITAS PADA
MODEL PRA-KOALISI ANTARA VIRUS H1N1-P DAN
H5N1 DENGAN SIMULASI NUMERIK**

SILVIANA MAYA P.
NRP 1213 2010 25

DOSEN PEMBIMBING
Dr. Hariyanto, M.Si.
Dr. Mahmud Yunus, M.Si.

PROGRAM MAGISTER
JURUSAN MATEMATIKA
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER
SURABAYA
2016



THESIS-SM 142501

ANALYSIS PERSISTENCE AND STABILITY ON PRE-COALITION MODELS BETWEEN H1N1-P AND H5N1 VIRUS WITH NUMERICAL SIMULATION

SILVIANA MAYA P.
NRP 1213 2010 25

SUPERVISORS:
Dr. Hariyanto, M.Si.
Dr. Mahmud Yunus, M.Si.

MAGISTER'S DEGREE
MATHEMATICS DEPARTEMENT
FACULTY OF MATHEMATICS AND NATURAL SCIENCES
INSTITUT TEKNOLOGI SEPULUH NOPEMBER
SURABAYA
2016

**ANALISIS PERSISTENSI DAN STABILITAS PADA MODEL PRA-KOALISI
ANTARA VIRUS H1N1-P DAN H5N1 DENGAN SIMULASI NUMERIK**

Tesis ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar
Magister Sains (M.Si.)

di

Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya

Oleh:

SILVIANA MAYA P.

NRP. 1213 201 025

Tanggal Ujian : 15 Juni 2016

Periode Wisuda: September 2016

Disetujui oleh Tim Penguji Tesis:

1. Dr. Hartyanto, M.Si.

NIP. 19530414 198203 1 022

(Pembimbing I)

2. Dr. Mahmud Yunus, M. Si

NIP. 19620407 198703 1 005

(Pembimbing II)

3. Dr. Chairul Imron, MI. Komp.

NIP. 19611115 198703 1 003

(Penguji)

4. Dr. Dwi Ratna S., S.Si., M.T.

NIP. 19690405 1994032 003

(Penguji)

5. Prof. Dr. M. Isa Irawan, M.T.

NIP. 19631225 198903 1 001

(Penguji)

Direktur Program Pascasarjana,



Prof. Ir. Djauhar Mamfaat, M.Sc. Ph.D

NIP. 19601202 198701 1 001

ANALISIS PERSISTENSI DAN STABILITAS PADA MODEL PRA-KOALISI ANTARA VIRUS H1N1-P DAN H5N1 DENGAN SIMULASI NUMERIK

Nama: Silviana Maya Purwasih

NRP: 1213 201 025

Pembimbing: 1. Dr. Hariyanto, M.Si

2. Dr. Mahmud Yunus, M.Si

ABSTRAK

Virus influenza terus berkembang dan berevolusi menjadi virus-virus baru, ini berarti setiap orang dapat terinfeksi beberapa kali sepanjang hidupnya. Virus H1N1-p yang mewabah pada manusia dan H5N1 yang menyerang hewan dan manusia dapat menyebar melalui kontak langsung dengan individu yang terinfeksi. Dengan demikian, adanya dinamika mobilitas penduduk yang terjadi dalam suatu populasi, dapat memperluas daerah penyebaran virus. Perluasan ini, memungkinkan terjadinya pandemik dari koalisi kedua virus tersebut. Pada tesis ini, akan dilakukan analisis persistensi dan stabilitas pada model pra-koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1 berdasarkan Bilangan Reproduksi Dasar, yang kemudian disimulasikan dengan menggunakan *software* Matlab. Dari hasil analisis, diketahui bahwa pada saat $R_0 < 1$ sistem stabil dan virus influenza bersifat *weakly uniform persistent* saat virus H5N1 dalam kondisi tunak, sedangkan pada saat $R_0 > 1$ sistem menjadi tidak stabil dan virus influenza H1N1-p bersifat *strongly uniform persistent*.

Kata Kunci: Pra-Koalisi, Bilangan Reproduksi Dasar, Stabilitas dan Persistensi.

ANALYSIS PERSISTENCE AND STABILITY ON PRE-COALITION MODELS BETWEEN H1N1-P AND H5N1 VIRUS WITH NUMERICAL SIMULATION

Name: Silviana Maya Purwasih

NRP: 1213 201 025

Supervisors: 1. Dr. Hariyanto, M.Si

2. Dr. Mahmud Yunus, M.Si

ABSTRACT

Seasonal influenza viruses evolve become new viruses continuously, it's means that everybody can get infected multiple times throughout their lives. H1N1-p virus adapts to humans and the avian flu (H5N1) which attack to both animals and humans can be spread on air from person-to-person through sneezing, coughing, or touching contaminated surfaces. With the case, the the dynamic mobility of individual population can expand the spreading areas. The expansion, perhaps pandemic will be happen from the coalition between two viruses. On this thesi, we'll analysis persistence and stability on pre-coalition models between H1N1-p and H5N1based on Basic Reproduction Numbers, and then we will simulation it by Matlab. From the analysis , it is known that when $R_0 < 1$, the system is stable and weakly uniformly persistent, whereas when $R_0 > 1$ the system becomes unstable and the virus is strongly uniform persistent .

Keyword: Pre-Coalition, Basic Reproduction Numbers, Stability and Persistence.

KATA PENGANTAR

Puji syukur Alhamdulillah penulis panjatkan kehadirat Allah SWT yang telah melimpahkan Rahmat, Taufiq, dan Hidayah-Nya, serta junjungan Beliau Rasulullah SAW atas suri teladan yang dibawanya sehingga penulis dapat menyelesaikan Tesis yang berjudul **“Analisis Persistensi dan Stabilitas pada Model Pra-koalisi antara Virus H1N1-p dan H5N1 dengan Simulasi Numerik”** ini tepat pada waktunya. Tesis ini merupakan sebagian persyaratan kelulusan dalam memperoleh gelar magister di Program Studi Magister Matematika, Fakultas MIPA, Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya.

Penyusunan Tesis ini tidak lepas dari bimbingan, bantuan, dan dukungan moral maupun spiritual dari banyak pihak. Oleh sebab itu, penulis mengucapkan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Ayah, Ibu, Mbak-Mbak dan Adik-adik beserta keluarga tercinta yang tak henti memberikan dukungan, doa, dan motivasi agar penulis dapat menyelesaikan Tesis ini.
2. Dr. Mukhlas, M.Si., selaku Ketua Jurusan Matematika Institut Teknologi Sepuluh Nopember.
3. Dr. Hariyanto, M.Si., dan Dr. Mahmud Yunus, M.Si selaku dosen pembimbing yang telah meluangkan waktu untuk membimbing, memberikan masukan dan motivasi kepada penulis dalam menyelesaikan Tesis ini.
4. Dr. Chairul Imron, MI. Komp., Dr. Dwi Ratna S., S.Si., M.T., dan Prof. Dr. M. Isa Irawan, M.T., selaku dosen penguji yang banyak memberikan masukan dan saran kepada penulis dalam perbaikan Tesis ini.
5. Prof. Dr. Erna Apriliani, M.Si., selaku dosen wali yang telah memberikan motivasi, arahan, dan bimbingan selama penulis menempuh kuliah.
6. Seluruh dosen Matematika ITS yang telah memberikan bekal dan ilmu pengetahuan serta staf administrasi Program Studi Magister Matematika atas segala bantuannya.

7. Keluarga besar Pascasarjana Matematika ITS 2013, dan semua pihak yang telah membantu proses penulisan Tesis ini yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu. Terima kasih.
8. Sahabat-sahabat Penulis, yang terus memberikan motivasi serta doanya agar Penulis terus berjuang menyelesaikan Tesis ini; Gusty, Hajar, Nia, Nisa, Ninik, Rizky, Bang Ali, Liyan, Kak Nia, Teman-teman Pra-S2 dan Teman-teman KBM, *without you All, I'm Nothing*. Terima kasih.

Semoga Allah SWT memberikan anugerah dan karunia-Nya kepada semua pihak yang telah membantu menyelesaikan Tesis ini.

Penulis menyadari bahwa dalam penulisan Tesis ini masih banyak kekurangan, sehingga kritik dan saran dari pembaca sangat penulis harapkan untuk perbaikan kedepannya. Kritik dan saran bisa dikirim melalui email penulis silviana89maya@gmail.com. Akhirnya semoga Tesis ini dapat bermanfaat bagi pembaca, khususnya mahasiswa Institut Teknologi Sepuluh Nopember.

Surabaya, Juni 2016

Penulis

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL

TITLE COVER

LEMBAR PENGESAHAN i

ABSTRAK iii

ABSTRACT v

KATA PENGANTAR vii

DAFTAR ISI x

DAFTAR SIMBOL xi

DAFTAR TABEL xiii

DAFTAR GAMBAR xv

BAB 1 PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang 1

1.2 Rumusan Masalah 2

1.3 Batasan Masalah 2

1.4 Tujuan Penelitian 3

1.5 Manfaat Penelitian 3

BAB 2 KAJIAN PUSTAKA DAN DASAR TEORI

2.1 Influenza 5

2.2 Model Pra-Koalisi 6

2.3 Titik Setimbang dan Kestabilan 7

2.4 Kriteria Routh-Hurwitz 11

2.5 Bilangan Reproduksi Dasar 12

2.6 Persistensi 15

2.7 Metode Runge Kutta Orde Empat 16

BAB 3 METODA PENELITIAN

Tahapan Penelitian 19

BAB 4 PEMBAHASAN

4.1 Model Pra-koalisi 23

4.2 Reduksi Model Pra-koalisi 28

4.3	Perbedaan dengan Penelitian Sebelumnya	33
4.4	Menentukan Bilangan Reproduksi Dasar.....	33
4.3.1	Bilangan Reproduksi Dasar Virus H1N1-p	34
4.3.2	Bilangan Reproduksi Dasar Virus H5N1 pada Manusia	38
4.3.3	Bilangan Reproduksi Dasar Virus H5N1 pada Unggas.....	39
4.5	Analisis Kestabilan Model Pra-koalisi.....	38
4.6	Analisis Persistensi Model Pra-koalisi.....	40
4.5.1	Analisis Persistensi dan R_0 Virus H1N1-p	45
4.5.2	Analisis Persistensi dan R_0 Virus H5N1 pada Manusia	50
4.5.3	Analisis Persistensi dan R_0 Virus H1N1-p pada Unggas	53
4.7	Simulasi Numerik	55
4.6.1	Simulasi Analisis Kestabilan pada Titik Setimbang Bebas Penyakit..	56
4.6.2	Simulasi Analisis Kestabilan pada Titik Setimbang Endemik	57
4.6.3	Simulasi Analisis Persistensi Virus H1N1-p	58
4.6.4	Simulasi Analisis Persistensi Virus H5N1 pada Manusia	60
4.6.5	Simulasi Analisis Persistensi Virus H5N1 pada Unggas.....	61
BAB 5 KESIMPULAN DAN SARAN		
5.1	Kesimpulan	63
5.2	Saran.....	63
DAFTAR PUSTAKA		65
BIODATA PENULIS		67

DAFTAR SIMBOL

S	:	sub populasi individu rentan (<i>Susceptible</i>)
E	:	sub populasi terinfeksi, tapi belum dapat menularkan (<i>Exposed</i>)
I	:	sub populasi terinfeksi (<i>Infected</i>)
$f(S, I) = \beta SI$:	fungsi transmisi
α	:	rate transmisi virus H1N1-p
β	:	rate transmisi virus H5N1 pada manusia
β^*	:	rate transmisi virus H5N1 pada unggas
d	:	rate kematian manusia, dan unggas
b	:	rate kelahiran manusia, dan unggas
δ	:	rate kesembuhan alamiah
γ	:	rate transisi exposed menjadi infeksi
$K(x, t)$:	fungsi densitas kernel
$\Omega_1 = [0, L_1]$:	menyatakan lintasan individu sub populasi yang bergerak di lokasi L_1
$\Omega_2 = [0, L_2]$:	menyatakan lintasan individu sub populasi yang bergerak di lokasi L_2

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1	Pandemi Influenza abad ke-21	5
Tabel 4.1	Perubahan Parameter pada Model Evolusi.....	31
Tabel 4.2	Analisis Persistensi.....	55
Tabel 4.3	Nilai Parameter pada Saat $R_0 < 1$	56
Tabel 4.4	Nilai Parameter pada Saat $R_0 > 1$	57

DAFTAR GAMBAR

Gambar 4.1	Mobilitas Penduduk.....	25
Gambar 4.2	Kestabilan pada Titik Setimbang Bebas Penyakit.....	56
Gambar 4.3	Kestabilan pada Titik Setimbang Endemik	57
Gambar 4.4	Persistensi Virus H1N1-p Saat $R_0 < 1$	59
Gambar 4.5	Persistensi Virus H1N1-p Saat $R_0 > 1$	59
Gambar 4.6	Persistensi Virus H5N1 pada Manusia Saat $R_0 < 1$	60
Gambar 4.7	Persistensi Virus H5N1 pada Manusia Saat $R_0 > 1$	60
Gambar 4.8	Persistensi Virus H5N1 pada Unggas Saat $R_0 < 1$	61
Gambar 4.9	Persistensi Virus H5N1 pada Unggas Saat $R_0 > 1$	62

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Penyebaran suatu penyakit merupakan ancaman tersendiri bagi manusia, terlebih penyakit berbahaya yang dibawa oleh berbagai jenis mikroba semacam jamur, bakteri, parasit dan virus. Influenza misalnya, atau lebih dikenal dengan sebutan flu, merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus RNA dari familia *Orthomyxoviridae* yang menyerang unggas dan mamalia.

Influenza menyebar ke seluruh dunia dalam epidemi musiman dan menyebabkan kematian hingga ratusan ribu orang bahkan sampai jutaan orang pada beberapa tahun pandemik. Virus influenza musiman berkembang terus menerus dan berevolusi menjadi virus-virus baru, hal ini berarti bahwa setiap orang dapat terinfeksi beberapa kali sepanjang hidup mereka. Oleh karena itu, penelitian-penelitian mengenai virus ini selalu menarik untuk dikaji.

Virus H1N1-p atau lebih dikenal dengan “flu babi” menyerang manusia. Sementara itu, flu burung (H5N1) mewabah pada unggas dan manusia. Kedua virus ini sangat mudah menyebar melalui kontak langsung dengan lingkungan yang telah terkontaminasi. Adanya interaksi antar individu, memungkinkan terjadinya penularan dan penyebaran virus tersebut. Ini berarti, dinamika mobilitas penduduk individu dapat memicu semakin luasnya daerah penyebaran, sehingga ada kemungkinan terjadinya pandemik dari koalisi antara virus H1N1-p dengan virus H5N1.

Perkembangan ilmu pengetahuan di bidang matematika turut memberikan andil dalam mengkaji penyebaran suatu penyakit, yakni berupa model matematika yang dikenal dengan tipe model SIR (*Susceptibles, Infected, Recovered*). Model SIR dikemukakan pertama kali oleh Kermack dan McKendrick pada tahun 1927, awalnya dikembangkan untuk mengetahui laju penyebaran dan kepunahan suatu wabah penyakit dalam populasi tertutup dan bersifat epidemik. Model ini, kemudian dikembangkan menjadi model-model baru, sesuai dengan penyakit yang diteliti.

Penelitian ini, secara garis besar mengacu pada penelitian Hariyanto, dkk (2013), adapun model matematika yang akan dikonstruksikan pada penelitian ini adalah model pra-koalisi bertipe SEI. Model pra-koalisi sendiri adalah model matematis yang dibangun dari penyebaran virus H1N1-p dan H5N1 untuk mengetahui pengaruh kedua virus terhadap sistem.

Untuk mengetahui dinamika penyebaran suatu penyakit, diperlukan bilangan reproduksi dasar R_0 , yakni suatu bilangan yang menjadi ukuran untuk mengetahui apakah dalam suatu populasi terjadi epidemi atau tidak. Dengan menggunakan nilai R_0 dapat dianalisis kestabilan suatu model, yang akan berperan penting untuk mengetahui jenis dan perilaku kestabilan dinamikanya. Pada tahap akhir, dilakukan analisis kuantitatif terhadap stabilitas maupun persistensi dari kedua virus dengan menggunakan program Matlab.

1.2 Rumusan Masalah

Adapun permasalahan dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

- a. Bagaimana mengonstruksi model evolusi dari penurunan model pra-koalisi penyebaran virus H1N1-p dan H5N1?
- b. Bagaimana analisis stabilitas sistem dengan Bilangan Reproduksi Dasar dapat terjadi bila ditinjau dari hasil simulasi numerik?
- c. Bagaimana persistensi virus H1N1-p dan H5N1 terhadap sistem, bila ditinjau dari hasil simulasi numerik?

1.3 Batasan Masalah

Pada penelitian ini, permasalahan dibatasi pada:

- a. Transmisi virus identik pada masing-masing lokasi
- b. Transmisi virus H1N1-p terjadi karena kontak individu antara manusia dengan manusia
- c. Transmisi virus H5N1, terjadi antara unggas dengan unggas, dan unggas dengan manusia.

1.4 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah:

- a. Mengkontruksi model evolusi dari model pra-koalisi penyebaran virus H1N1-p dan H5N1
- b. Melakukan analisis terhadap stabilitas sistem dengan Bilangan Reproduksi Dasar berdasarkan hasil simulasi numerik
- c. Melakukan analisis persistensi virus H1N1-p dan H5N1 terhadap sistem berdasarkan hasil simulasi numerik.

1.5 Manfaat Penelitian

Adapun manfaat dari penelitian ini adalah:

- a. Memberikan wawasan lebih mengenai kemungkinan terjadinya koalisi dari virus H1N1-p dan H5N1 yang berkembang di masyarakat
- b. Membuka wawasan mengenai persistensi dan kestabilan pada model pra-koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1 melalui kajian bilangan reproduksi dasar pada model matematika
- c. Dapat menjadi acuan bagi penelitian selanjutnya.

“Halaman ini sengaja dikosongkan”

BAB 2 DASAR TEORI

2.1 Influenza

Influenza, atau lebih dikenal dengan sebutan flu, merupakan penyakit menular yang disebabkan oleh virus RNA dari familia *Orthomyxoviridae* (virus influenza) yang menyerang unggas dan mamalia. Influenza menyebar ke seluruh dunia dalam epidemi musiman dan menyebabkan kematian hingga ratusan ribu bahkan hingga jutaan orang pada beberapa tahun pandemik. Tiga pandemi influenza yang terjadi pada abad keduapuluh dan telah menewaskan puluhan juta orang. Tiap pandemi tersebut disebabkan oleh munculnya strain baru virus ini pada manusia, seperti pada tabel 2.1 berikut:

Tabel 2.1 Pandemi Influenza Abad ke-20

Waktu	Strain	Perkiraan Jumlah Kematian	Keterangan
1918-1919 (Flu Spanyol)	H1N1	Lebih dari 50 juta	Tiga gelombang: A pertama, gelombang ringan pada musim semi tahun 1918 digantikan oleh gelombang kedua pada bulan September sampai November 1918 yang mengakibatkan tingkat kematian lebih dari 2,5%. Gelombang ketiga dengan angka kematian yang tinggi menyapu seluruh dunia pada tahun 1919. Virus ini mungkin berasal dari Amerika Serikat dan kemudian menyebar ke Eropa.
1957-1958 (Asian Flu)	H2N2	1-1500000	Dua gelombang: Virus berasal dari Cina bagian selatan pada bulan Februari 1957 dan tersebar di 3 bulan ke Singapura, Hong Kong dan Jepang dan Oktober 1957 mencapai Inggris dan Amerika Serikat. Gelombang kedua terdeteksi pada Januari 1958.
1968-1969 (Flu Hong Kong)	H3N2	¾ juta	Dua gelombang di musim dingin dari 1968-1969 dan 1969-1970. Virus berasal dari Hong Kong pada bulan Juli 1968.

Sumber: Al Hajjar.S, 2010

Strain unggas yang disebut H5N1 ini menimbulkan kekhawatiran munculnya pandemi influenza baru, setelah kemunculannya yang pertama pada tahun 1990, namun virus tersebut belum berevolusi menjadi bentuk yang

menyebarkan dari manusia ke manusia. Pada April 2009, sebuah strain virus flu baru berevolusi dan diketahui mengandung campuran gen dari flu manusia, babi, dan unggas. Virus ini pada awalnya disebut "flu babi" (A/H1N1), yang muncul di Meksiko, Amerika Serikat dan beberapa negara lain, kemudian dikenal sebagai H1N1-p sejak WHO resmi mendeklarasikan wabah ini sebagai pandemi level 6, Pada 11 Juni 2009 (WHO, 2009).

Virus influenza terus mengalami perubahan genetik. Adanya perubahan pada kode genetik ini dapat mengakibatkan terjadinya evolusi genetik berupa mutasi ataupun koalisi. Hal ini sangat mengkhawatirkan, karena virus H5N1 pasti akan lebih mudah menular di antara manusia. Infeksi H5N1 pada manusia dapat menyebabkan penyakit parah dan memiliki tingkat kematian yang tinggi.

Virus influenza menyebar dari orang ke orang melalui udara lewat bersin dan batuk juga menular melalui kontak langsung dengan kotoran burung atau menyentuh permukaan yang telah terkontaminasi. Dengan adanya interaksi antara individu yang satu dengan yang lain dapat memicu terjadinya pandemik dari koalisi virus H1N1-p dan H5N1.

2.2 Model Pra-Koalisi

Model pra-koalisi adalah model matematis yang dibangun dari penyebaran H1N1-p virus influenza dan virus H5N1 pada unggas dan manusia. Melalui model ini, dapat diketahui pengaruh masing-masing virus pada sistem (Hariyanto, 2013).

Konstruksi model sistem dari penyebaran virus influenza H1N1-p dan H5N1 pada lokasi 1 dan 2 dalam bentuk umum dapat dinyatakan sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{\partial S_{jm}}{\partial t} &= D_j^S \frac{\partial^2 S_{jm}}{\partial x^2} - \beta^* S_{jm} I_{2ju} - \alpha S_{jm} I_{1jm} - dS_{jm} + bS_{jm} \int_{\Omega_2} S_{km} K(x-y) dy - S_{jm} \int_{\Omega_1} K(y-x) dx + \delta I_{2jm} + \delta I_{1jm} + \delta E_{1jm} \\ \frac{\partial E_{1jm}}{\partial t} &= D_j^E \frac{\partial^2 E_{1jm}}{\partial x^2} + \alpha S_{jm} I_{1jm} - \gamma E_{1jm} - dE_{1jm} - bE_{1jm} + \int_{\Omega_2} E_{km} K(x-y) dy - E_{1jm} \int_{\Omega_1}^1 K(y-x) dx - \delta E_{1jm} \\ \frac{\partial I_{ijm}}{\partial t} &= (D_{11}^I + D_{21}^I) \frac{\partial^2 I_{ijm}}{\partial x^2} + \gamma E_{1jm} + \beta^* S_{jm} I_{2ju} - dI_{ijm} - bI_{ijm} - \delta I_{ijm}\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\frac{\partial S_{2ju}}{\partial t} &= D_j^s \frac{\partial^2 S_{ju}}{\partial x^2} - \beta S_{2ju} I_{2ju} - d S_{2ju} + b S_{2ju} + \int_{\Omega_k} S_{ju} K(x-y) dy - S_{2j} \int_{\Omega_j} K(y-x) dx \\
\frac{\partial I_{2ju}}{\partial t} &= D_{2ju}^s \frac{\partial^2 I_{2ju}}{\partial x^2} + \beta S_{2ju} I_{2ju} - d I_{2ju} - b I_{2ju}
\end{aligned}
\tag{2.1}$$

dengan kondisi awal:

$$S_{jm}(x, 0) = \sigma, I_{ijm}(x, 0) = I_{ijm0}, E_{1jm}(x, 0) = E_{1jm0}, S_{2ju}(x, 0) = S_{u0}, I_{2ju} = I_{u0} \tag{2.2}$$

Dan kondisi batas Newmann, sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial S_{jm}}{\partial x}(0) &= \frac{\partial S_{jm}}{\partial x}(L) = 0; \frac{\partial S_{2ju}}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_{2ju}}{\partial x}(L) = 0, \frac{\partial E_{1jm}}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_{1jm}}{\partial x}(L) = 0 \\
\frac{\partial I_{ijm}}{\partial x}(0) &= \frac{\partial I_{ijm}}{\partial x}(L) = 0; \frac{\partial^2 I_{ijm}}{\partial x^2}(L) > 0, \text{ dan } \frac{\partial I_{2ju}}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_{2ju}}{\partial x}(L) = 0, \text{ dan } \frac{\partial^2 I_{2ju}}{\partial x^2}(L) > 0
\end{aligned}
\tag{2.3}$$

Dengan total populasi:

$$N_{jm}(t) = S_{jm}(t) + E_{1jm}(t) + I_{1jm}(t) + I_{2jm}(t) \text{ dan } N_{2ju}(t) = S_{2ju}(t) + I_{2ju}(t) \tag{2.4}$$

Indeks $i = 1, 2$ menyatakan virus influenza, dengan $i = 1$ untuk virus H1N1-p dan $i = 2$ untuk virus H5N1. Indek $j = 1, 2$ menyatakan lokasi, dengan $j = 1$ untuk lokasi 1 dan $j = 2$ untuk lokasi 2. Indeks m dan u , menyatakan populasi individu, dengan m untuk manusia, dan u untuk unggas. Indeks $k = 1$ jika $j = 2$, $k = 2$ jika $j = 1$ menyatakan diffusi global.

2.3 Titik Setimbang dan Kestabilan

Menurut Boyce, Di Prima (1997), berdasarkan pengaruhnya terhadap waktu, sistem dibedakan menjadi sistem statis dan sistem dinamis. Sistem statis yaitu sistem yang tidak berubah berdasarkan fungsi waktu. Sedangkan sistem dinamis merupakan metode untuk menganalisa suatu masalah dimana waktu merupakan faktor yang sangat penting.

Misal diberikan suatu sitem autonomus enam dimensi:

$$\begin{aligned}
\dot{u} &= e(u, v, w, x, y, z) \\
\dot{v} &= f(u, v, w, x, y, z) \\
\dot{w} &= g(u, v, w, x, y, z) \\
\dot{x} &= h(u, v, w, x, y, z) \\
\dot{y} &= i(u, v, w, x, y, z) \\
\dot{z} &= j(u, v, w, x, y, z)
\end{aligned}
\tag{2.5}$$

Titik $(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)$ yang membuat fungsi $e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, dan $j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$ disebut titik kritis Sistem (2.5). Titik kritis $(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)$ merupakan solusi sistem (2.5) yang bernilai konstan sebab di titik $(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)$, nilai $\frac{du^*}{dt} = 0, \frac{dv^*}{dt} = 0, \frac{dw^*}{dt} = 0, \frac{dx^*}{dt} = 0, \frac{dy^*}{dt} = 0$, dan $\frac{dz^*}{dt} = 0$ sehingga titik kritis disebut juga titik tetap atau titik kesetimbangan.

Diberikan sistem *autonomous* linear sebagai berikut:

$$\begin{aligned}\frac{du}{dt} &= a_{11}u + a_{12}v + a_{13}w + a_{14}x + a_{15}y + a_{16}z \\ \frac{dv}{dt} &= a_{21}u + a_{22}v + a_{23}w + a_{24}x + a_{25}y + a_{26}z \\ \frac{dw}{dt} &= a_{31}u + a_{32}v + a_{33}w + a_{34}x + a_{35}y + a_{36}z \\ \frac{dx}{dt} &= a_{41}u + a_{42}v + a_{43}w + a_{44}x + a_{45}y + a_{46}z \\ \frac{dy}{dt} &= a_{51}u + a_{52}v + a_{53}w + a_{54}x + a_{55}y + a_{56}z \\ \frac{dz}{dt} &= a_{61}u + a_{62}v + a_{63}w + a_{64}x + a_{65}y + a_{66}z\end{aligned}\quad (2.6)$$

Misalkan $\vec{x} = (u, v, w, x, y, z)$ maka Sistem Persamaan (2.6) dapat ditulis

sebagai $\frac{d\vec{x}}{dt} = A\vec{x}$ dengan $A = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} & a_{14} & a_{15} & a_{16} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} & a_{24} & a_{25} & a_{26} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} & a_{34} & a_{35} & a_{36} \\ a_{41} & a_{42} & a_{43} & a_{44} & a_{45} & a_{46} \\ a_{51} & a_{52} & a_{53} & a_{54} & a_{55} & a_{56} \\ a_{61} & a_{62} & a_{63} & a_{64} & a_{65} & a_{66} \end{bmatrix}$, $\vec{x} = \begin{bmatrix} u \\ v \\ w \\ x \\ y \\ z \end{bmatrix}$ dalam hal

ini A disebut matriks koefisien dari Sistem (2.6)

Misalkan akar-akar persamaan karakteristik sistem (2.6) adalah $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 maka $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 disebut nilai eigen. Nilai eigen digunakan untuk menentukan jenis kestabilan titik-titik kesetimbangan sistem (2.6). Nilai eigen diperoleh dengan menggunakan rumus $\det(A - \lambda I) = 0$.

Menurut Edwards, Penney (2008), kriteria jenis kestabilan titik kesetimbangan sistem (2.6) berdasarkan nilai eigen dijelaskan pada Teorema 2.1.

Teorema 2.1 Misalkan $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 adalah nilai eigen matriks koefisien A sistem *autonomous* linear dengan $\det(A) \neq 0$. Titik setimbang $(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)$ bersifat:

- Stabil asimtotik, jika bagian riil dari $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 keenamnya negatif.
- Stabil, tetapi bukan stabil asimtotik jika bagian riil dari $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 keenamnya nol (sehingga $\lambda_{1,...,6} = \pm qi$)
- Tidak stabil, Jika salah satu dari $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$, dan λ_6 memiliki bagian riil positif.

Pandang sistem (2.6) sebagai sistem *autonomous* yang berbentuk nonlinear, dengan fungsi e, f, g, h, i , dan j mempunyai turunan parsial dan merupakan fungsi kontinu. Maka, untuk memperoleh titik setimbang pada sistem *autonomous* yang berbentuk nonlinear, perlu dilakukan ekspansi deret Taylor di sekitar titik $(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)$, sehingga fungsi e, f, g, h, i , dan j dapat dinyatakan sebagai:

$$\begin{aligned}
 e(u, v, w, x, y, z) &= e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) + (u - u^*) \frac{\partial e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial u} + (v - v^*) \frac{\partial e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial v} \\
 &\quad + (w - w^*) \frac{\partial e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial w} + \dots + (z - z^*) \frac{\partial e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial z} + \eta_1(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\
 f(u, v, w, x, y, z) &= f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) + (u - u^*) \frac{\partial f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial u} + (v - v^*) \frac{\partial f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial v} \\
 &\quad + (w - w^*) \frac{\partial f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial w} + \dots + (z - z^*) \frac{\partial f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial z} + \eta_2(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\
 g(u, v, w, x, y, z) &= g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) + (u - u^*) \frac{\partial g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial u} + (v - v^*) \frac{\partial g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial v} \\
 &\quad + (w - w^*) \frac{\partial g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial w} + \dots + (z - z^*) \frac{\partial g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial z} + \eta_3(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\
 h(u, v, w, x, y, z) &= h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) + (u - u^*) \frac{\partial h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial u} + (v - v^*) \frac{\partial h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial v} \\
 &\quad + (w - w^*) \frac{\partial h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial w} + \dots + (z - z^*) \frac{\partial h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial z} + \eta_4(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
i(u, v, w, x, y, z) &= i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) + (u - u^*) \frac{\partial i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial u} + (v - v^*) \frac{\partial i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial v} \\
&\quad + (w - w^*) \frac{\partial i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial w} + \dots + (z - z^*) \frac{\partial i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial z} + \eta_5(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\
j(u, v, w, x, y, z) &= j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) + (u - u^*) \frac{\partial j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial u} + (v - v^*) \frac{\partial j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial v} \\
&\quad + (w - w^*) \frac{\partial j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial w} + \dots + (z - z^*) \frac{\partial j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\partial z} + \eta_6(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)
\end{aligned} \tag{2.8}$$

dengan $\eta_i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)$ adalah suku sisa.

Berdasarkan sistem Persamaan (2.8) di atas, serta mengingat

$$\frac{du}{dt} = \frac{d(u - u^*)}{dt}, \quad \frac{dv}{dt} = \frac{d(v - v^*)}{dt}, \quad \frac{dw}{dt} = \frac{d(w - w^*)}{dt}, \quad \frac{dx}{dt} = \frac{d(x - x^*)}{dt}, \quad \frac{dy}{dt} = \frac{d(y - y^*)}{dt},$$

dan $\frac{dz}{dt} = \frac{d(z - z^*)}{dt}$, maka sistem Persamaan (2.6) dapat ditulis dalam bentuk

matriks:

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} u - u^* \\ v - v^* \\ w - w^* \\ x - x^* \\ y - y^* \\ z - z^* \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\ f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\ g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\ h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\ i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \\ j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) \end{bmatrix} + J \begin{bmatrix} u - u^* \\ v - v^* \\ w - w^* \\ x - x^* \\ y - y^* \\ z - z^* \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \eta_1(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_2(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_3(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_4(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_5(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_6(u, v, w, x, y, z) \end{bmatrix} \tag{2.9}$$

dengan J adalah matriks adalah matriks Jacobian.

Karena $e(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $f(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $g(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $h(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, $i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$, dan $j(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*) = 0$ maka sistem persamaan (2.9) dapat ditulis

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} l \\ m \\ n \\ o \\ p \\ q \end{bmatrix} = J \begin{bmatrix} l \\ m \\ n \\ o \\ p \\ q \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \eta_1(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_2(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_3(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_4(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_5(u, v, w, x, y, z) \\ \eta_6(u, v, w, x, y, z) \end{bmatrix} \tag{2.10}$$

Bentuk sistem persamaan (2.10) dapat ditulis sebagai:

$$\frac{d\vec{r}}{dt} = J\vec{r} + \vec{\eta} \tag{2.11}$$

Untuk hampiran orde satu, suku sisa memenuhi sifat-sifat:

$$\lim_{(u,v,w,x,y,z) \rightarrow u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*} \frac{\eta_i(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)}{\|\vec{r}\|} = 0, (i = 1, 2, 3, 4, 5, 6)$$

Dengan $\vec{r} = (u - u^*, v - v^*, w - w^*, x - x^*, y - y^*, z - z^*)^T$. Akibatnya nilai $\vec{\eta}$ dapat diabaikan, dan $(u^*, v^*, w^*, x^*, y^*, z^*)$ disekitar sistem nonlinear (2.11) dapat dihampiri oleh sistem linear.

$$\frac{d\vec{r}}{dt} = J\vec{r} \quad (2.12)$$

(Boyce & Di Prima, 2009)

Jika nilai eigen yang diperoleh dari matriks Jacobi adalah $\lambda_1 \neq \lambda_2 \neq \lambda_3 \neq \lambda_4 \neq \lambda_5 \neq \lambda_6$ dan $\text{Re}(\lambda_i) \neq 0, (i = 1, 2, 3, 4, 5, 6)$ maka kestabilan dari titik setimbang sistem *autonomous* nonlinear yang dilinearkan dapat ditentukan berdasarkan analisis kestabilan dari sistem *autonomous* linear.

2.4 Kriteria Ruth Hurwitz

Nilai-nilai karakteristik dari matriks A adalah akar-akar karakteristik dari polinomial $p(s) = \det(sI - A) = a_n s^n + a_{n-1} s^{n-1} + \dots + a_1 s + a_0$ a

(2.13)

Dengan $a_n = 1$ Kriteria kestabilan *Routh-Hurwitz* dapat dipakai untuk mengecek langsung kestabilan melalui koefisien a_i tanpa menghitung akar-akar polinomial yang ada, yaitu dengan melakukan pelabelan dan suatu aturan penghitungan dari koefisien a_i akan diketahui bahwa apakah polinomial yang diberikan oleh Persamaan (2.13) semua akar-akarnya bagian realnya adalah negatif.

Berikut ini diberikan polinomial dalam Persamaan (2.13) dengan $a_n \neq 0$ semua akar-akarnya bagian realnya negatif.

Diberikan suatu polinomial

$$q(s) = a_n s^n + a_{n-1} s^{n-1} + \dots + a_1 s + a_0, \quad \text{dengan } a_n \neq 0$$

Tabel disusun sebagai berikut :

s^n	a_n	a_{n-2}	a_{n-4}
s^{n-1}	a_{n-1}	a_{n-3}	a_{n-5}
s^{n-2}	b_1	b_2	b_3
s^{n-3}	c_1	c_2	c_3
\vdots	\vdots		
s^0	Q		

Dimana $b_1, b_2, \dots, c_1, c_2, \dots$ dan q secara rekursif didapat dari :

$$b_1 = \frac{a_{n-1}a_{n-2} - a_n a_{n-3}}{a_{n-1}}, \quad b_2 = \frac{a_{n-1}a_{n-4} - a_n a_{n-5}}{a_{n-1}}$$

$$c_1 = \frac{b_1 a_{n-3} - b_2 a_{n-1}}{b_1}, \quad c_2 = \frac{b_1 a_{n-5} - b_3 a_{n-1}}{b_1}$$

Kriteria *Routh-Hurwitz* menyimpulkan bahwa banyaknya perubahan tanda dalam kolom peratama pada tabel di atas sama dengan banyaknya akar-akar polinomial $q(s)$ yang bagian realnya positif. Jadi bila pada kolom pertama dalam tabel tidak ada perubahan tanda (semuanya bertanda positif atau semuanya bertanda negatif), maka semua akar polinomial $q(s)$ bagian realnya adalah negatif, bila polinomial ini merupakan polinomial akar-akar karakteristik dari matriks A dimana $\dot{x} = Ax(t)$, maka sistem ini adalah stabil (Subiono, 2013).

2.5 Bilangan Reproduksi Dasar

Bilangan Reproduksi Dasar atau R_0 adalah bilangan yang menyatakan banyaknya rata-rata individu infeksi sekunder akibat tertular individu *infektif* primer yang berlangsung di dalam populasi *Susceptible*. Namun ada pula yang mengartikan R_0 sebagai ratio atau perbandingan yang menunjukkan jumlah individu *Susceptible* yang menderita penyakit yang diakibatkan oleh individu yang terinfeksi.

Kuantitas dari bilangan reproduksi dasar tergantung dari beberapa faktor seperti banyaknya rata-rata kontak antara individu-individu yang masih sehat dengan individu-individu yang sudah terinfeksi dan lama terjadinya kontak. Pada setiap model, bilangan reproduksi dasar tergantung pada parameter-parameter kependudukan (demografi) dan epidemiologi yang termuat di dalam model.

Jika model hanya mempunyai dua titik kesetimbangan yaitu titik kesetimbangan bebas penyakit dan titik kesetimbangan epidemik, maka rata-rata individu yang terinfeksi menghasilkan kurang dari satu individu yang terinfeksi baru selama periode menular, dan infeksi tidak bisa tumbuh sehingga tidak terjadi endemik, jika $R_0 < 1$. Sedangkan jika $R_0 > 1$ maka terjadi endemik, karena setiap individu yang terinfeksi menghasilkan, rata-rata, lebih dari satu infeksi baru, dan penyakit ini dapat menyerang penduduk.

Bilangan reproduksi dasar dapat diperoleh dari perhitungan nilai eigen dari matriks Jacobi pada titik kesetimbangan model. Namun, pada model pra-koalisi ini, matriks Jacobi melibatkan banyak parameter, sehingga perhitungan akan sulit dilakukan. Oleh karena itu, digunakan metode pendekatan operator generasi selanjutnya (*the next generation operator approach*) untuk menghitung.

Untuk menghitung R_0 , penting untuk membedakan infeksi baru dari semua perubahan lain dalam populasi. Diberikan $\mathcal{F}_i(X, t)$ merupakan matriks dengan elemen-elemennya berbentuk parameter dari individual yang baru terinfeksi pada kompartemen i , sedangkan $\mathcal{V}_i(X, t)$ menyatakan matriks dengan elemen-elemen yang menyatakan laju perpindahan individu yang keluar dan masuk pada kompartemen i . Hal ini diasumsikan bahwa setiap fungsi secara terus-menerus terdifferensiasi setidaknya dua kali dalam setiap variabel. Model penularan penyakit terdiri dari kondisi awal tak negatif dengan sistem Persamaan:

$$\frac{dx}{dt} = f_i(x, t) = \mathcal{F}_i(X, t) - \mathcal{V}_i(X, t), \quad i = 1, \dots, n \quad (2.14)$$

dengan $\mathcal{V}_i(X, t) = \mathcal{V}_i(X, t)^- - \mathcal{V}_i(X, t)^+$ yang mana $\mathcal{V}_i(X, t)^-$ menyatakan laju perpindahan individu yang keluar, sedangkan $\mathcal{V}_i(X, t)^+$ menyatakan perpindahan individu yang masuk.

Menurut Driessche, (2002), Misalkan X_s adalah himpunan dari semua keadaan yang bebas dari penyakit, maka, fungsi $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i^-$ dan \mathcal{V}_i^+ harus memenuhi asumsi-asumsi dasar di bawah ini,

A1 Jika $x_i \geq 0$ maka $\mathcal{F}_i \geq 0$, $\mathcal{V}_i^- \geq 0$ dan $\mathcal{V}_i^+ \geq 0$ untuk $i = 1, 2, \dots, n$

- A2 Jika $x_i = 0$ maka $\mathcal{V}_i^- = 0$, khususnya jika $x \in X_s$ maka $\mathcal{V}_i^- = 0$ untuk $i = 1, 2, \dots, m$
- A3 $\mathcal{F}_i = 0$ jika $i > m$
- A4 Jika $x \in X_s$ maka $\mathcal{F}_i = 0$ dan $\mathcal{V}_i^+ = 0$ untuk $i = 1, 2, \dots, m$
- A5 Jika $\mathcal{F}_i = 0$ maka semua nilai eigen pada $Df(x_0)$ mempunyai bagian real negatif.

Kondisi di atas memungkinkan untuk mempartisi matriks $Df(x_0)$ sebagai mana yang ditunjukkan oleh lemma berikut:

Lemma 2.1 Jika (x) adalah DFE dari (2.14) dan memenuhi 5 asumsi dasar Driessche, maka $D\mathcal{F}(x_0)$ dan $D\mathcal{V}(x_0)$ dapat dipartisi sebagai:

$$D\mathcal{F}(x_0) = \begin{pmatrix} F & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \text{ dan } D\mathcal{V}(x_0) = \begin{pmatrix} V & 0 \\ J_3 & J_4 \end{pmatrix} \text{ dengan } F \text{ dan } V \text{ adalah matriks } m \times m$$

yang didefinisikan oleh $F = \left[\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j}(x_0) \right]$ dan $V = \left[\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j}(x_0) \right]$ dengan $1 \leq i, j \leq m$.

Dengan F adalah non-negatif dan V merupakan M -matriks non singular dan semua nilai eigen dari J_4 memiliki nilai real positif.

Untuk model yang lebih rumit, definisi heuristik sederhana R_0 tidaklah cukup. Sejumlah reproduksi dasar yang lebih umum dapat didefinisikan sebagai jumlah infeksi baru yang dihasilkan oleh individu infeksi khusus pada populasi di *Derivation Free Equilibrium* (DFE). Untuk menentukan bagian dari individu infeksi khusus yang ada dalam suatu populasi, pertimbangkan dinamika sistem linear (2) dengan reinfeksi yang diabaikan. Artinya, sistem

$$\dot{x} = -D\mathcal{V}(x_0)(x - x_0) \quad (2.15)$$

Dari Asumsi ke-5, DFE adalah stabil asimtotik lokal dalam sistem ini. Dengan demikian, (2.7) dapat digunakan untuk menentukan bagian dari sejumlah kecil individu yang terinfeksi yang masuk populasi bebas penyakit. Diberikan $\psi_i(0)$ adalah jumlah awal individu yang terinfeksi pada kompartemen i dan diberikan $\psi_i(t) = (\psi_1(t), \dots, \psi_m(t))^t$ adalah jumlah individu yang terinfeksi pada

waktu t . Partisi dari $DV(x_0)$ menunjukkan bahwa $\psi(t)$ memenuhi $\psi'(t) = -V\psi(t)$ yang memiliki solusi unik $\psi(t) = e^{Vt}\psi$.

Dari Lemma 2.1, diketahui V adalah M matriks non-singular, dan oleh karena matriks invers dan semua nilai eigennya bernilai real positif. Dengan demikian, integrasi $F\psi(t)$ dari nol sampai tak hingga menunjukkan jumlah yang diharapkan dari infeksi baru yang dihasilkan individu yang awalnya terinfeksi sebagai vektor FV^{-1} . Karena F matriks non-negatif dan V M -matriks non-singular, V^{-1} adalah matriks non-negatif, demikian pula FV^{-1} . Masukan V^{-1} adalah rata-rata waktu yang dihabiskan individu dalam kompartemen selama hidup, dan masukan F adalah laju individu terinfeksi menghasilkan infeksi baru. Oleh karena itu, FV^{-1} adalah jumlah infeksi baru yang mungkin muncul disebabkan oleh individu yang telah terinfeksi sebelumnya. Untuk selanjutnya, Diekman, dkk. Menyebut matriks FV^{-1} sebagai matrik generasi berikutnya untuk model dan

$$R_0 = \rho(FV^{-1})$$

dengan $\rho(A)$ menunjukkan jari-jari spektral matriks A , yaitu kumpulan nilai eigen suatu matriks. Jika A adalah matriks operator generasi selanjutnya berukuran $n \times n$ dengan nilai eigen $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$ maka spectral radius dari A adalah $\rho(A) = \max_{1 \leq i \leq n} |\lambda_i|$ (Driessche, 2002)

2.6 Persistensi

Persistensi adalah sifat penting dari sistem dinamis, sistem ekologi, epidemi dll. Persistensi membahas kelangsungan hidup beberapa atau semua komponen sistem jangka panjang. Sejauh ini teori persistensi lebih difokuskan pada ekologi dari model epidemiologi. Dalam epidemiologi penyakit menular persistensi yang dicari dapat berupa, persistensi (atau endemisitas) penyakit atau persistensi kelangsungan hidup populasi *host*-nya (Thieme, 2000).

Misalkan X ruang metric d dan \mathbb{R} menyatakan himpunan bilangan real dengan struktur aljabar dan topologi dan misalkan \mathbb{R}^+ dan \mathbb{R}^- menyatakan himpunan bilangan real non negatif dan negatif maka aliran kontinu

$F = (X, \mathbb{R}, \pi)$ didefinisikan pada X dengan $\pi : X \times \mathbb{R} \rightarrow X$ kontinu sedemikian hingga $\pi(x, 0) = x$ untuk semua $x \in X, t, s \in \mathbb{R}$, jika $M \subset X$ dan $K \in \mathbb{R}$ maka $\pi(M, K)$ menyatakan himpunan $\{\pi(x, t) : x \in M, t \in K\}$.

Sehingga virus dikatakan *Strongly unifomly persistent* jika terdapat $\varepsilon > 0$ sedemikian sehingga $\liminf_{t \rightarrow \infty} (d[S(x, t), I(y, t)]) > \varepsilon$ untuk semua penyelesaian dari sistem, sedangkan *Weakly unifomly persistent* jika terdapat $\varepsilon > 0$ sedemikian sehingga $\limsup_{t \rightarrow \infty} (d[S(x, t), I(y, t)]) > \varepsilon$ dengan $S(x, t) > 0$ dan $I(y, t) > 0$ (Hariyanto, dkk., 2013).

2.7 Metode Runge-Kutta Order Empat

Penyelesaian PDB dengan metode deret Taylor tidaklah praktis, karena metode tersebut membutuhkan perhitungan turunan $f(x, y)$ dan ini merupakan proses yang rumit dan memakan banyak waktu, terlebih untuk fungsi yang bentuknya rumit, sehingga dalam prakteknya metode deret Taylor jarang digunakan.

Metode Runge-Kutta adalah alternatif lain dari metode deret Taylor yang tidak membutuhkan perhitungan turunan (Rinaldi Munir, 2010). Adapun bentuk umum dari metode Runge-Kutta orde- n adalah:

$$y_{i+1} = y_i + a_1 k_1 + a_2 k_2 + \dots + a_n k_n$$

dengan a adalah konstanta dan

$$\begin{aligned} k_1 &= hf(x_r, y_r) \\ k_2 &= hf(x_r + p_1 h, y_r + q_{11} k_1) \\ k_3 &= hf(x_r + p_2 h, y_r + q_{21} k_1 + q_{22} k_2) \\ &\vdots \\ k_n &= hf(x_r + p_{n-1,1} h, y_r + q_{n-1,1} k_1 + q_{n-1,2} k_2 + \dots + q_{n-1,n-1} k_{n-1}) \end{aligned}$$

Nilai a_i, p_i, q_{ij} dipilih sedemikian rupa sehingga meminimumkan galat perlangkah. Persamaan di atas menunjukkan bahwa nilai k mempunyai hubungan berurutan. Nilai k_1 muncul dalam Persamaan untuk menghitung k_2 , yang juga muncul dalam Persamaan untuk menghitung k_3 , dan seterusnya. Hubungan yang berurutan ini membuat metode Runge-Kutta lebih efisien dalam perhitungan.

Metode Runge-Kutta yang banyak digunakan adalah metode Runge Kutta order 4 dengan bentuk umum

$$\begin{aligned}
 y_0 &= \alpha \\
 k_1 &= hf(x_r, y_r) \\
 k_2 &= hf\left(x_r + \frac{1}{2}h, y_r + \frac{1}{2}k_1\right) \\
 k_3 &= hf\left(x_r + \frac{1}{2}h, y_r + \frac{1}{2}k_2\right) \\
 k_4 &= hf(x_r + h, y_r + k_3) \\
 y_{r+1} &= y_r + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4)
 \end{aligned} \tag{2.16}$$

Untuk setiap $r=0,1,,N-1$. Metode ini memiliki nilai galat sebesar $O(h^4)$, asalkan solusi $y(x)$ memiliki lima turunan kontinu (Burden,2010).

Halaman ini sengaja dikosongkan

BAB 3

METODA PENELITIAN

Pada bab ini akan diuraikan beberapa metode penelitian yang akan digunakan atau dikerjakan untuk mencapai tujuan penelitian. Adapun tahapan penelitian untuk mendapatkan analisis persistensi dan stabilitas pada model pra-koalisi adalah sebagai berikut:

a. Studi literatur

Pada tahap ini, dilakukan studi literatur dari beberapa buku, jurnal dan penelitian-penelitian terdahulu terkait model pra-koalisi, bilangan reproduksi dasar, analisis persistensi dan stabilitas, dan metode Runge Kutta Empat.

b. Mengkaji Penurunan Model Pra-koalisi antara Virus H1N1-p dan H5N1

Pada tahap ini, akan dilakukan penurunan model pra-koalisi antara kedua virus yang memiliki bentuk multi stain dan multi spesies. Karena model yang ada masih dalam bentuk Persamaan differensial integral parsial, maka harus direduksi terlebih dahulu menjadi bentuk PDP dengan memperhatikan evolusi gennya. Adapun, langkah-langkah yang perlu dilakukan sebagai berikut;

Langkah 1: Mereduksi bentuk difusi global yang dinyatakan oleh Persamaan (4.3)-(4.5) menjadi bentuk yang lebih sederhana.

Langkah 2: Mereduksi model Pra-Koalisi dengan memperhatikan perubahan genetik dari setiap individu populasi yang saling berinteraksi, dan perubahan transmisi virus yang terjadi, sehingga diperoleh model evolusi yang berbeda dengan model pada jurnal yang digunakan sebagai acuan.

c. Menentukan Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Setelah melakukan penurunan model, langkah selanjutnya adalah menentukan nilai reproduksi dasar, parameter inilah yang kemudian dapat digunakan untuk menganalisis stabilitas sistem. Adapun langkah-langkah yang perlu dilakukan sebagai berikut:

Langkah 1: Membangun matriks $F_i(X,t)$ dan $V_i(X,t)$ dari model Persamaan evolusi yang telah didapat.

Langkah 2: Membuktikan bahwa matriks $F_i(X,t)$ dan $V_i(X,t)$ memenuhi 5 asumsi dasar Van Driesshe.

Langkah 3: Menghitung nilai R_0 dari virus H1N1-p pada manusia, H5N1 pada manusia dan unggas dengan menggunakan matriks jacobian dari matriks $F_i(X,t)$ dan $V_i(X,t)$.

d. Analisa Persistensi Virus di dalam Sistem

Pada tahap ini akan dianalisa persistensi virus H1N1-p dan H5N1 dengan memperhatikan parameter-parameter R_0 yang berkaitan. Adapun langkah-langkah yang perlu dilakukan, sebagai berikut:

Langkah 1: Menunjukkan bahwa sistem pada model evolusi adalah well posed, dengan menentukan solusi eksak dan model memiliki solusi tunggal, serta menunjukkan bahwa model tersebut adalah dinamik.

Langkah 2: Menyubsitusikan penyelesaian eksak dan memperhatikan parameter-parameter yang berkaitan dengan R_0 pada definisi persistensi yang ada untuk mengetahui nilai ε apakah $\varepsilon < 0$ atau $\varepsilon > 0$.

Langkah 3: Dengan mengetahui nilai dari ε dapat disimpulkan peristensi dari setiap virus terkait dengan nilai R_0 -nya.

e. Simulasi dan Interpretasi Model

Analisa kuantitatif terhadap stabilitas dan persistensi dilakukan dengan menggunakan program Matlab. Sistem Persamaan model yang telah direduksi disimulasikan dengan memanfaatkan metode Runge-Kutte Orde Empat untuk memastikan hasil yang sesuai dengan hasil analisis kestabilan. Program simulasi dijalankan dengan variasi nilai parameter yang memenuhi dua kondisi, yaitu saat $R_0 < 1$ dan $R_0 > 1$.

f. Penarikan Kesimpulan dan Pemberian Saran

Berdasarkan hasil penelitian yang diperoleh melalui serangkaian langkah di atas, selanjutnya akan dilakukan penarikan kesimpulan dan pemberian saran untuk perbaikan dan pengembangan penelitian yang mendatang.

g. Penulisan laporan tesis

h. Diseminasi

Halaman ini sengaja dikosongkan

BAB 4

PEMBAHASAN

Pada bab ini akan dibahas mengenai kontruksi model dari kondisi yang ada, kemudian dilakukan analisis terhadap kestabilan, persistensi dan keterkaitannya dengan bilangan reproduksi dasar.

4.1 Model Pra Koalisi

Persamaan (2.1) merupakan bentuk umum dari kontruksi model sistem penyebaran virus influenza H1N1-p dan H5N1 pada lokasi 1 dan lokasi 2 yang digolongkan berdasarkan pada *host*-nya, yakni manusia dan unggas. Untuk lebih jelas, Persamaan tersebut dapat dijabarkan sebagai berikut:

Model sub sistem pada lokasi 1:

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial S_{1m}}{\partial t} &= D_1^S \frac{\partial^2 S_{1m}}{\partial x^2} - \beta^* S_{1m} I_{21u} - \alpha S_{1m} I_{11m} - dS_{1m} + bS_{1m} \int_{\Omega_2} S_{2m} K(x-y) dy - S_{1m} \int_{\Omega_1} K(y-x) dx + \delta I_{21m} + \delta I_{11m} + \delta E_{11m} \\
 \frac{\partial E_{11m}}{\partial t} &= D_1^E \frac{\partial^2 E_{11m}}{\partial x^2} + \alpha S_{11m} I_{11m} - \gamma E_{11m} - dE_{11m} - bE_{11m} + \int_{\Omega_2} E_{12m} K(x-y) dy - E_{11m} \int_{\Omega_1} K(y-x) dx - \delta E_{11m} \\
 \frac{\partial I_{i1m}}{\partial t} &= (D_{11}^I + D_{21}^I) \frac{\partial^2 I_{i1m}}{\partial x^2} + \gamma E_{11m} + \beta^* S_{11m} I_{21u} - dI_{i1m} - bI_{i1m} - \delta I_{i1m} \\
 \frac{\partial S_{21u}}{\partial t} &= D_{21}^S \frac{\partial^2 S_{21u}}{\partial x^2} - \beta S_{21u} I_{21u} - dS_{21u} + bS_{21u} + \int_{\Omega_2} S_{22u} K(x-y) dy - S_{21u} \int_{\Omega_1} K(y-x) dx \\
 \frac{\partial I_{21u}}{\partial t} &= D_{21u}^S \frac{\partial^2 I_{21u}}{\partial x^2} + \beta S_{21u} I_{21u} - dI_{21u} - bI_{21u}
 \end{aligned} \tag{4.1}$$

Model sub sistem pada lokasi 2:

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial S_{2m}}{\partial t} &= D_1^S \frac{\partial^2 S_{2m}}{\partial x^2} - \beta^* S_{2m} I_{22u} - \alpha S_{2m} I_{21m} - dS_{2m} + bS_{2m} \int_{\Omega_2} S_{1m} K(x-y) dx - S_{2m} \int_{\Omega_1} K(y-x) dy + \delta I_{22m} + \delta I_{12m} + \delta E_{12m} \\
 \frac{\partial E_{12m}}{\partial t} &= D_1^E \frac{\partial^2 E_{12m}}{\partial x^2} + \alpha S_{12m} I_{12m} - \gamma E_{12m} - dE_{12m} - bE_{12m} + \int_{\Omega_2} E_{11m} K(x-y) dx - E_{12m} \int_{\Omega_1} K(y-x) dy - \delta E_{12m} \\
 \frac{\partial I_{i2m}}{\partial t} &= (D_{12}^I + D_{22}^I) \frac{\partial^2 I_{i2m}}{\partial x^2} + \gamma E_{12m} + \beta^* S_{12m} I_{22u} - dI_{i2m} - bI_{i2m} - \delta I_{i2m} \\
 \frac{\partial S_{22u}}{\partial t} &= D_{22}^S \frac{\partial^2 S_{22u}}{\partial x^2} - \beta S_{22u} I_{22u} - dS_{22u} + bS_{22u} + \int_{\Omega_2} S_{21u} K(x-y) dx - S_{22u} \int_{\Omega_1} K(y-x) dy \\
 \frac{\partial I_{22u}}{\partial t} &= D_{22u}^S \frac{\partial^2 I_{22u}}{\partial x^2} + \beta S_{22u} I_{22u} - dI_{22u} - bI_{22u}
 \end{aligned} \tag{4.2}$$

dengan kondisi awal:

$$S_{jm}(x, 0) = \sigma, I_{ijm}(x, 0) = I_{ijm0},$$

$$E_{1jm}(x, 0) = E_{1jm0}, S_{2ju}(x, 0) = S_{u0}, I_{2ju} = I_{u0}$$

dan kondisi batas Newmann, sebagai berikut:

$$\frac{\partial S_{jm}}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_{jm}}{\partial x}(L) = \frac{\partial S_{2ju}}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_{2ju}}{\partial x}(L) = 0, \frac{\partial E_{1jm}}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_{1jm}}{\partial x}(L) = 0$$

$$\frac{\partial I_{ijm}}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_{ijm}}{\partial x}(L) = 0, \frac{\partial^2 I_{ijm}}{\partial x^2}(L) > 0, \text{ dan } \frac{\partial I_{2ju}}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_{2ju}}{\partial x}(L) = 0, \text{ dan } \frac{\partial^2 I_{2ju}}{\partial x^2}(L) > 0$$

Dengan total populasi:

$$N_{jm}(t) = S_{jm}(t) + E_{1jm}(t) + I_{1jm}(t) + I_{2jm}(t)$$

$$N_{2ju}(t) = S_{2ju}(t) + I_{2ju}(t)$$

Indeks $i = 1, 2$ menyatakan virus influenza, dengan $i = 1$ untuk virus H1N1-p dan $i = 2$ untuk virus H5N1. Indek $j = 1, 2$ menyatakan lokasi, dengan $j = 1$ untuk lokasi 1 dan $j = 2$ untuk lokasi 2. Indeks m dan u , menyatakan populasi individu, dengan m untuk manusia, dan u untuk unggas. Indeks $k = 1$ jika $j = 2$, $k = 2$ jika $j = 1$ menyatakan diffusi global. Pada penelitian ini diasumsikan transmisi virus yang terjadi pada kedua lokasi bersifat simetri.

Difusi lokal dinyatakan oleh D , sedangkan difusi global yang menyatakan perpindahan individu dari lokasi 1 ke lokasi 2 dan sebaliknya dinyatakan oleh:

$$\int_{\Omega_k} S_{km}(y, t) K(x - y) dy - S_{jm}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx \quad (4.3)$$

$$\int_{\Omega_k} E_{1km}(y, t) K(x - y) dy - E_{1jm}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx \quad (4.4)$$

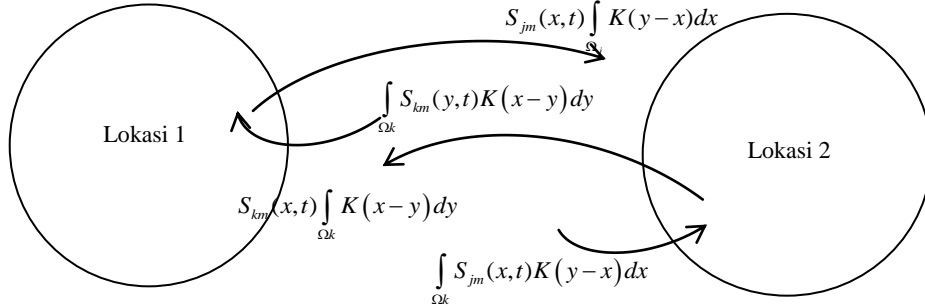
$$\int_{\Omega_k} S_{2ku}(y, t) K(x - y) dy - S_{2ju}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx \quad (4.5)$$

Model (2.1) dibangun dengan asumsi bahwa individu yang bergerak/berpindah akan kembali pada lokasi tetapnya dalam kurun waktu tertentu. Suku yang bertanda positif pada Persamaan (4.3) - (4.5) menyatakan populasi yang berpindah dari lokasi k ke lokasi j , sedangkan suku yang bertanda negatif menyatakan populasi yang keluar dari lokasi j ke lokasi k .

Sebagai contoh, $\int_{\Omega_k} S_{km}(y, t) K(x - y) dy$ menunjukkan populasi manusia

susceptible yang bergerak dari lokasi k menuju lokasi j . Perpindahan individu dari

lokasi k ke lokasi j diikuti dengan pergerakan individu dari lokasi j ke lokasi k sebagaimana yang ditunjukkan pada Persamaan $S_{jm}(x,t) \int_{\Omega_j} K(y-x)dx$.



Gambar 4.1 Mobilitas Penduduk

Untuk mereduksi difusi global di atas, yaitu Persamaan (4.3) – (4.5), diasumsikan bahwa perpindahan individu sehat dari satu lokasi ke lokasi lain terjadi sedemikian hingga populasi pada suatu lokasi yang berpindah ke lokasi lain mempunyai proporsi yang sama. Misalkan konstanta proporsi perpindahan individu dinyatakan sebagai μ , baik pada lokasi 1 maupun lokasi 2. Misalkan, fungsi densitas kernel dinyatakan sebagai fungsi Laplace, yaitu $K(y,t) = e^{-\beta^* y^2}$. Maka Persamaan (4.3) dapat direduksi menjadi:

$$\int_{\Omega_k} S_{km}(y,t)K(x-y)dy - S_{jm}(x,t) \int_{\Omega_j} K(y-x)dx = \int_{\Omega_k} S_{km}(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy - S_{jm}(x,t) \int_{\Omega_j} e^{-\beta^* x^2} dx$$

Untuk $\int_{\Omega} S(y,t)K(x-y)dy$, misal $A = \int_{\Omega} S(y,t)K(x-y)dy$

$$\begin{aligned} \frac{dA}{dy} &= \int_{\Omega} \frac{\partial}{\partial y} S(y,t)K(x-y)dy \\ &= \int_{\Omega} \frac{\partial}{\partial y} S(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy \\ &= \int_{\Omega} \frac{\partial S}{\partial y}(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy - 2\beta^* \int_{\Omega} yS(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy \\ &= S(y,t)e^{-\beta^* y^2} \Big|_0^{L_1} - \int_{\Omega} S(y,t)de^{-\beta^* y^2} - 2\beta^* \int_{\Omega} yS(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy \\ &= S(y,t)e^{-\beta^* y^2} \Big|_0^{L_1} - \int_{\Omega} -2\beta^* y^2 S(y,t)dy - 2\beta^* \int_{\Omega} yS(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy \\ &= S(y,t)e^{-\beta^* y^2} \Big|_0^{L_1} + 2\beta^* \int_{\Omega} yS(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy - 2\beta^* \int_{\Omega} yS(y,t)e^{-\beta^* y^2} dy \\ &= S(y,t)e^{-\beta^* y^2} \Big|_0^{L_1} = S(L_1,t)e^{-\beta^* L_1^2} - S(0,t) \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
\int_{\Omega} \frac{dA}{dy} dy &= \int_{\Omega} S(L_1, t) e^{-\beta^* L_1^2} - S(0, t) dy \\
&= y S(L_1, t) e^{-\beta^* L_1^2} - S(0, t) \Big|_0^{L_1} \\
&= L_1 S(L_1, t) e^{-\beta^* L_1^2} - S(0, t) \\
&= \frac{L_1}{e^{\beta^* L_1^2}} S(L_1, t) - S(0, t) \\
&= S(y, t) \frac{L_1}{e^{\beta^* L_1^2}}; \quad \text{untuk } 0 \leq y \leq L_1
\end{aligned}$$

Untuk $S_{jm}(x, t) \int_{\Omega j} e^{-\beta^* x^2} dx$, Misal $B = \int_{\Omega k} e^{-\beta^* y^2} dy$; $B = \int_{\Omega j} e^{-\beta^* x^2} dx$, x, y dummy variable

$$\begin{aligned}
B^2 &= \left(\int_0^L e^{-\beta^* y^2} dy \right) \left(\int_0^L e^{-\beta^* x^2} dx \right) \\
&= \int_0^L \int_0^{2\pi} e^{-\beta^* (x^2 + y^2)} dx dy
\end{aligned}$$

Misal, $r^2 = x^2 + y^2$, $u = r^2$ dan $du = 2r dr$

Maka,

$$\begin{aligned}
B^2 &= \int_0^L \int_0^{2\pi} e^{-\beta^* r^2} r dr d\theta \\
&= \int_0^L 2\pi (e^{-\beta^* r^2}) r dr
\end{aligned}$$

Misal $p = -\beta^* r^2 \Leftrightarrow dp = 2\beta^* r dr$ atau $\frac{dp}{2\beta^*} = r dr$ maka,

$$\begin{aligned}
&= \int_0^L 2\pi \left(\frac{1}{2\beta^*} \right) e^{-p} dp \\
&= \frac{\pi}{\beta^*} (-1) e^{-p} \Big|_0^L \\
&= \frac{\pi}{\beta^*} (-1) (e^{-p} - 1) \\
&= \frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-p}) \\
&= \frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* r^2})
\end{aligned}$$

Karena $0 \leq r \leq L$ maka $B^2 = \frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L^2})$, sehingga $B = \sqrt{\frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L^2})}$,

maka:

$$\int_{\Omega k} S_{km}(y, t) e^{-\beta^* y^2} dy - S_{jm}(x, t) \int_{\Omega j} e^{-\beta^* x^2} dx = S(y, t) \frac{L_1}{e^{\beta^* L_1^2}} - S_{jm}(x, t) \sqrt{\frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L_1^2})}$$

Dalam Blyuss (2005:131), dengan menyekala ulang dan mengenalkan domain $\Omega = [0, L]$ dan $x, y \in \Omega = [0, L]$ dimana $L = L_1 = L_2$

$$\begin{aligned} \int_{\Omega_k} S_{km}(y, t) e^{-\beta^* y^2} dy - S_{jm}(x, t) \int_{\Omega_j} e^{-\beta^* x^2} dx &= S(y, t) \frac{L_1}{e^{\beta^* L_1^2}} - S_{jm}(x, t) \sqrt{\frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L_1^2})} \\ &= S(y, t) \frac{L}{e^{\beta^* L^2}} - S_{jm}(x, t) \sqrt{\frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L^2})} \end{aligned}$$

Dengan $\frac{L}{e^{\beta^* L^2}}$ menyatakan konstanta proporsi perpindahan individu rentan dari lokasi j menuju lokasi k , sedangkan $\sqrt{\frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L^2})}$ menyatakan konstanta proporsi perpindahan individu rentan dari lokasi k menuju lokasi j .

Karena sebelumnya telah diasumsikan bahwa proporsi perpindahan individu dinyatakan sebagai μ , dengan demikian,

$$\begin{aligned} \int_{\Omega_k} S_{km}(y, t) K(x - y) dy - S_{jm}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx &= S(y, t) \frac{L}{e^{\beta^* L^2}} - S_{jm}(x, t) \sqrt{\frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L^2})} \\ &= \mu_1 S(y, t) - \mu_2 S_{jm}(x, t) \end{aligned} \quad (4.5)$$

dengan $\mu_1 = \frac{L}{e^{\beta^* L^2}}$ dan $\mu_2 = \sqrt{\frac{\pi}{\beta^*} (1 - e^{-\beta^* L^2})}$.

Karena $x, y \in \Omega = [0, L]$ maka Persamaan (4.5) dapat diubah menjadi:

$$\int_{\Omega_k} S_{km}(y, t) K(x - y) dy - S_{jm}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx = \mu_1 S_{km}(y, t) - \mu_2 S_{jm}(x, t) \quad (4.6)$$

Dengan demikian, hasil reduksi Persamaan (4.3) adalah Persamaan (4.6). Dengan cara yang sama, hasil reduksi Persamaan (4.4) – (4.5) adalah sebagai berikut:

$$\begin{aligned} \int_{\Omega_k} S_{km}(y, t) K(x - y) dy - S_{jm}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx &= \mu_1 S_{km}(y, t) - \mu_2 S_{jm}(x, t) \\ \int_{\Omega_k} E_{1km}(y, t) K(x - y) dy - E_{1jm}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx &= \mu_1 \sigma E_{1km}(y, t) - \mu_2 E_{1jm}(x, t) \\ \int_{\Omega_k} S_{2ku}(y, t) K(x - y) dy - S_{2ju}(x, t) \int_{\Omega_j} K(y - x) dx &= \mu_1 S_{2ku}(y, t) - \mu_2 S_{2ju}(x, t) \end{aligned} \quad (4.7)$$

Perhatikan Persamaan (4.7) di atas, diasumsikan bahwa gejala infeksi dapat menghambat mobilitas individu, sehingga individu *exposed* tidak dapat leluasa melakukan perpindahan dari lokasi satu ke lokasi lainnya. Diasumsikan hambatan yang dialami oleh individu *Eksposed* sebesar $0 \leq \sigma \leq 1$, maka khusus untuk sub

populasi *Eksposed* sebagaimana telah diasumsikan, selain dipengaruhi konstanta proporsi μ , juga dipengaruhi oleh σ .

Dengan menyubsitusikan Persamaan (4.7) ke dalam Persamaan (2.1), maka model subsistem penyebaran virus H1N1-p dan H5N1 dapat direduksi menjadi:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial S_{jm}}{\partial t} &= D_j^S \frac{\partial^2 S_{jm}}{\partial x^2} - \beta^* S_{jm} I_{2ju} - \alpha S_{jm} I_{1jm} - dS_{jm} + bS_{jm} + \mu_1 S_{km} - \mu_2 S_{jm} + \delta I_{2jm} + \delta I_{1jm} + \delta E_{1jm} \\
\frac{\partial E_{1jm}}{\partial t} &= D_j^E \frac{\partial^2 E_{1jm}}{\partial x^2} + \alpha S_{1jm} I_{1jm} - \gamma E_{1jm} - dE_{1jm} - bE_{1jm} + \mu_1 \sigma E_{km} - \mu_2 E_{jm} - \delta E_{1jm} \\
\frac{\partial I_{jm}}{\partial t} &= (D_{1j}^I + D_{2j}^I) \frac{\partial^2 I_{jm}}{\partial x^2} + \gamma E_{1jm} + \beta^* S_{jm} I_{2ju} - dI_{jm} - bI_{jm} - \delta I_{2jm} - \delta I_{1jm} \\
\frac{\partial S_{2ju}}{\partial t} &= D_{2j}^S \frac{\partial^2 S_{2ju}}{\partial x^2} - \beta S_{2ju} I_{2ju} - dS_{2ju} + bS_{2ju} + \mu_1 S_{2ku} - \mu_2 S_{2ju} \\
\frac{\partial I_{2ju}}{\partial t} &= D_{2j}^I \frac{\partial^2 I_{2ju}}{\partial x^2} + \beta S_{2ju} I_{2ju} - dI_{2ju} - bI_{2ju}
\end{aligned} \tag{4.8}$$

4.2 Reduksi Model Pra Koalisi

Berdasarkan pada perubahan genetik dari setiap individu populasi, maka dapat dikonstruksi model evolusi. Interaksi antara individu rentan dengan individu terinfeksi menyebabkan adanya transmisi virus. Individu rentan yang berinteraksi dengan individu terinfeksi dapat menjadi bagian dari populasi individu terinfeksi, *exposed*, atau tetap menjadi bagian dari subpopulasi rentan. Demikian pula dengan individu *exposed*, dapat berubah menjadi individu terinfeksi setelah melewati masa *Eksposed*. Begitu juga individu populasi *Eksposed* dan terinfeksi yang sembuh karena kekebalan alamiah atau mendapatkan pengobatan akan berubah menjadi individu rentan.

Misalkan tranmisi virus influenza H1N1-p berbentuk $\alpha I_{1jm} S_{jm}$, pada saat awal penyebaran terjadi proses reaksi antara phatogen dan antigen sampai menghasilkan individual populasi terinfeksi dan misalkan $t = \tau$ sebagai waktu tetap yang menunjukkan adanya perubahan maka untuk $t > \tau$ terjadi transisi individual $S_{jm} \rightarrow E_{1jm}$, proses tersebut berjalan terus sesuai dengan lama waktu penyebaran sehingga terdapat sebarang $t = \tau$ sedemikian hingga $\forall t \in R^+$ akan terdapat individual *susceptible* yang terinfeksi atau terdapat individual baru terinfeksi H1N1-p.

Dengan demikian $\alpha I_{1jm} S_{jm}$, untuk $t \in R^+$ memungkinkan mempunyai 2 bentuk reduksi yaitu $\alpha I_{1jm} S_{jm} = k S_{jm}$ yang bermakna individual *susceptible* terinfeksi dengan k sebagai rate transis dan $\alpha I_{1jm} S_{jm} = k E_{1jm}$ sebagai individual baru terinfeksi dengan k sebagai rate perubahan. Demikian pula untuk populasi *Exposed* yang dapat mengalami transisi perubahan menjadi individual populasi terinfeksi yang mampu mentransmisi virus yaitu $\gamma E_{1jm} = a I_{jm}$ dengan a sebagai rate perubahan dan $\delta E_{1jm} = q_1 S_{jm}$ sebagai individu baru *susceptible* dengan q_1 sebagai rate perubahan, dengan cara yang sama dapat pula dilakukan pengamatan terhadap transisi perubahan pada subpopulasi yang lain.

Virus H1N1-p memiliki kemampuan beradaptasi pada manusia, sehingga dapat diasumsikan bahwa setiap individu rentan yang berinteraksi dengan individu terinfeksi virus H1N1-p akan menjadi bagian dari populasi *Exposed*, oleh karenanya $\alpha I_{1jm} S_{jm}$ hanya memiliki 1 bentuk reduksi, yaitu $k E_{1jm}$. Demikian juga pada reduksi yang diakibatkan oleh transmisi virus H5N1, karena virus H5N1 memiliki tingkat patogenitas yang tinggi, maka dapat diasumsikan bahwa setiap individu rentan yang berinteraksi dengan individu terinfeksi H5N1 akan menjadi bagian dari populasi terinfeksi dan populasi *Exposed* yang dapat mengalami transisi perubahan menjadi individu terinfeksi juga hanya memiliki satu bentuk reduksi.

Dengan memperhatikan suku-suku yang terdapat pada Persamaan (4.8) maka dapat dinyatakan sebagai berikut:

- a. $\beta^* S_{jm} I_{2ju}$ menyatakan individu *susceptible* dari populasi S_{jm} melakukan kontak dengan individu *Infected* dari populasi I_{2ju} dengan rate transmisi sebesar β^* . Dengan demikian, individu *susceptible* S_{jm} dapat menjadi bagian dari subpopulasi I_{jm} , sehingga mengurangi jumlah populasi S_{jm} . Misalkan, rate berkurangnya jumlah populasi S_{jm} yang disebabkan oleh individu S_{jm} menjadi bagian I_{jm} adalah a , maka $\beta^* S_{jm} I_{2ju} = a I_{jm}$

- b. $\alpha S_{jm} I_{1jm}$ mengartikan individu *susceptible* dari populasi S_{jm} melakukan kontak dengan individu *Infected* dari populasi I_{1jm} dengan rate transmisi sebesar α . Dengan demikian, individu *susceptible* S_{jm} dapat menjadi *exposed*, sehingga mengurangi jumlah populasi S_{jm} . Misalkan, rate berkurangnya jumlah populasi S_{jm} yang disebabkan oleh individu S_{jm} menjadi bagian E adalah k , maka $\alpha S_{jm} I_{1jm} = k E_{1jm}$.
- c. δI_{1jm} menyatakan manusia terinfeksi virus H1N1-p yang sembuh dengan sendirinya dengan rate kesembuhan alamiah sebesar δ . Misalkan rate bertambahnya jumlah populasi S_{jm} yang disebabkan oleh individu I_{1jm} adalah q_1 dan menyebabkan berkurangnya populasi I_{1jm} sebesar u maka $\delta I_{1jm} = q_1 S_{jm} = u I_{1jm}$.
- d. δI_{2jm} menyatakan manusia terinfeksi virus H5N1 yang sembuh dengan sendirinya dengan rate kesembuhan alamiah sebesar δ . Misalkan rate bertambahnya jumlah populasi S_{2jm} yang disebabkan oleh individu I_{2jm} adalah q_2 dan menyebabkan berkurangnya populasi I_{2jm} sebesar v maka $\delta I_{2jm} = q_2 S_{jm} = v I_{2jm}$.
- e. δE_{1jm} menyatakan individu E_{1jm} yang sembuh dengan sendirinya dengan rate kesembuhan alamiah sebesar δ . Misalkan rate bertambahnya jumlah populasi S_{1jm} yang disebabkan oleh individu E_{1jm} adalah o dan menyebabkan berkurangnya populasi E_{1jm} sebesar n maka $\delta E_{1jm} = o S_{jm} = n E_{jm}$.

Dengan melihat Tabel 4.1, dapat diamati evolusi yang terjadi pada tiap populasi:

Tabel 4.1: Perubahan Parameter Model Evolusi

Fungsi Transmisi	Parameter Awal	Transisi	Parameter Baru
$\alpha S_{jm} I_{1jm}$	α	$\alpha S_{jm} I_{1jm} \rightarrow k E_{1jm}$	k
$\beta^* S_{jm} I_{2ju}$	β^*	$\beta^* S_{jm} I_{2ju} \rightarrow a I_{2jm}$	a
$\beta S_{2ju} I_{2ju}$	β	$\beta S_{2ju} I_{2ju} \rightarrow s I_{2ju}$	s
δI_{1jm}	δ	$\delta I_{1jm} \rightarrow q_1 S_{jm}$ $\delta I_{1jm} \rightarrow u I_{1jm}$	q_1 u
δI_{2jm}	δ	$\delta I_{2jm} \rightarrow q_2 S_{jm}$ $\delta I_{2jm} \rightarrow v I_{2jm}$	q_2 v
δE_{1jm}	δ	$\delta E_{1jm} \rightarrow o S_{jm}$ $\delta I_{1jm} \rightarrow o E_{1jm}$	o n
γE_{11m}	γ	$\gamma E_{1jm} \rightarrow p I_{jm}$	p

Dengan demikian diperoleh model evolusi dari model pra-koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1 sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial S_{jm}}{\partial t} &= D_j^S \frac{\partial^2 S_{jm}}{\partial x^2} - k E_{1jm} - a I_{2jm} - d S_{jm} + b S_{jm} + \mu_1 S_{km} - \mu_2 S_{jm} + o S_{jm} + q_1 S_{jm} + q_2 S_{jm} \\
\frac{\partial E_{1jm}}{\partial t} &= D_{1j}^E \frac{\partial^2 E_{1jm}}{\partial x^2} + k E_{1jm} - p I_{1jm} - d E_{1jm} - b E_{1jm} + \mu_1 \sigma E_{1km} - \mu_2 E_{1jm} - n E_{1jm} \\
\frac{\partial I_{ijm}}{\partial t} &= (D_{1j}^I + D_{2j}^I) \frac{\partial^2 I_{ijm}}{\partial x^2} + a I_{2jm} + p I_{1jm} - d I_{jm} - b I_{jm} - u I_{1jm} - v I_{2jm} \\
\frac{\partial S_{2ju}}{\partial t} &= D_{2j}^S \frac{\partial^2 S_{2ju}}{\partial x^2} - s I_{2ju} - d S_{2ju} + b S_{2ju} + \mu_1 S_{2ku} - \mu_2 S_{2ju} \\
\frac{\partial I_{2ju}}{\partial t} &= D_{2j}^I \frac{\partial^2 I_{2ju}}{\partial x^2} + s I_{2ju} - d I_{2ju} - b I_{2ju}
\end{aligned} \tag{4.9}$$

dengan kondisi awal:

$$S_{jm}(x, 0) = \sigma, I_{ijm}(x, 0) = I_{ijm0}, E_{1jm}(x, 0) = E_{1jm0}, S_{2ju}(x, 0) = S_{u0}, I_{2ju} = I_{u0}$$

Dan kondisi batas Newmann, sebagai berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial S_{jm}}{\partial x}(0) &= \frac{\partial S_{jm}}{\partial x}(L) = 0; \frac{\partial S_{2ju}}{\partial x}(0) = \frac{\partial S_{2ju}}{\partial x}(L) = 0, \frac{\partial E_{1jm}}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_{1jm}}{\partial x}(L) = 0 \\
\frac{\partial I_{ijm}}{\partial x}(0) &= \frac{\partial I_{ijm}}{\partial x}(L) = 0; \frac{\partial^2 I_{ijm}}{\partial x^2}(L) > 0, \text{ dan } \frac{\partial I_{2ju}}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_{2ju}}{\partial x}(L) = 0, \text{ dan } \frac{\partial^2 I_{2ju}}{\partial x^2}(L) > 0
\end{aligned}$$

Karena $S(x,t)$ merupakan fungsi propabilitas, maka $S(t) = \frac{S(x,t)}{P(x,t)}$. Sehingga,

$$S_{1m}(t) = \int_{\Omega_1} S_{1m}(x,t) dx \quad \text{dan} \quad \frac{dS_{jm}}{dt} = \int_{\Omega_1} \frac{\partial S_{jm}(x,t)}{\partial t} dx.$$
 Dengan sistem persamaan

diferensial berbentuk $\frac{dX}{dt} = f(X(t),t)$ maka $\frac{\partial^2 S_{jm}}{\partial x^2}$ pada Persamaan (4.8) di atas menjadi:

$$\begin{aligned} \int_{\Omega_1} \frac{\partial S_{jm}}{\partial t} dx &= \int_{\Omega_1} \left(D_1^s \frac{\partial^2 S_{jm}}{\partial x^2} - kE_{1jm} - aI_{1jm} - (d-b+\mu-q_1-q_2)S_{jm} + \mu S_{km} \right) dx \\ \frac{dS_{jm}}{dt} &= D_1^s \int_{\Omega_1} \frac{\partial^2 S_{jm}(x,t)}{\partial x^2} dx - \int_{\Omega_1} kE_{1jm}(x,t) dx - \int_{\Omega_1} aI_{jm}(x,t) dx - \int_{\Omega_1} \mu S_{km}(x,t) dx - \int_{\Omega_1} (d-b+\mu-q_1-q_2)S_{jm}(x,t) dx \\ &= D_1^s \frac{\partial S_{jm}}{\partial x} \Big|_0^{L_1} - kE_{1jm}(t) - aI_{jm}(t) - (d-b+\mu-q_1-q_2)S_{jm}(t) - \mu S_{km}(t) \\ &= D_1^s \left(\frac{\partial S_{jm}(L_1,t)}{\partial x} - \frac{\partial S_{jm}(0,t)}{\partial x} \right) - kE_{1jm}(t) - aI_{jm}(t) - (d-b+\mu-q_1-q_2)S_{jm}(t) - \mu S_{km}(t) \end{aligned}$$

Berdasarkan syarat Neumann, didapat,

$$\frac{dS_{jm}}{dt} = D_1^s (0-0) - kE_{1jm}(t) - aI_{jm}(t) - (d-b+\mu-q_1-q_2)S_{jm}(t) - \mu S_{km}(t)$$

sehingga

$$\frac{dS_{jm}}{dt} = -kE_{1jm}(t) - aI_{jm}(t) - (d-b+\mu-q_1-q_2)S_{jm}(t) - \mu S_{km}(t)$$

Untuk selanjutnya, dapat ditulis

$$\frac{dS_{jm}}{dt} = -kE_{1jm} - aI_{jm} - dS_{jm} + bS_{jm} + \mu S_{km} - \mu S_{jm} + oS_{jm} + q_1S_{jm} + q_2S_{jm}.$$

Dengan cara yang sama dapat pula diperoleh $\frac{dE_{1jm}}{dt}, \frac{dI_{ijm}}{dt}, \frac{dS_{2ju}}{dt}, \frac{dI_{2ju}}{dt}$ dan

menjabarkan persamaan $\frac{dI_{ijm}}{dt}$ pada Persamaan (4.9) maka diperoleh,

$$\begin{aligned} \frac{dS_{jm}}{dt} &= -kE_{1jm} - aI_{jm} - dS_{jm} + bS_{jm} + \mu_1 S_{km} - \mu_2 S_{jm} + oS_{jm} + q_1 S_{jm} + q_2 S_{jm} \\ \frac{dE_{1jm}}{dt} &= kE_{1jm} - pI_{jm} - dE_{1jm} - bE_{1jm} + \mu_1 \sigma E_{1km} - \mu_2 E_{1jm} - nE_{1jm} \\ \frac{dI_{1jm}}{dt} &= pI_{1jm} - dI_{1jm} - bI_{1jm} - uI_{1jm} \\ \frac{dI_{2jm}}{dt} &= aI_{2jm} - dI_{2jm} - bI_{2jm} - vI_{2jm} \\ \frac{dS_{2ju}}{dt} &= -sI_{2ju} - dS_{2ju} + bS_{2ju} + \mu_1 S_{ku} - \mu_2 S_{ju} \\ \frac{dI_{2ju}}{dt} &= sI_{2ju} - dI_{2ju} - bI_{2ju} \end{aligned} \tag{4.10}$$

4.3 Perbedaan dengan Penelitian Sebelumnya

Seperti yang telah dipaparkan sebelumnya, penelitian ini mengacu pada penelitian (Hariyanto, 2013). Adapun yang membedakan penelitian ini dengan penelitian sebelumnya, adalah sebagai berikut:

- a. Pada penelitian sebelumnya, fungsi densitas kernel yang dipakai adalah $K(y, t) = e^{-\beta^* y}$ menyatakan fungsi yang monoton turun, sedangkan pada penelitian ini, fungsi densitas kernel yang dipakai $K(y, t) = e^{-\beta^* y^2}$, dengan asumsi bahwa tingkat penularan virus yang terjadi sangat tinggi, sehingga perlu dilakukan evakuasi atau karantina guna membatasi mobilitas penduduk.
- b. Pada penelitian sebelumnya, model evolusi dibangun berdasarkan setiap kemungkinan yang terjadi akibat adanya interaksi antara individu *susceptible* dengan individu yang terinfeksi, sedangkan pada penelitian ini, dengan memperhatikan sifat dari kedua virus, penulis mengasumsikan setiap individu *susceptible* (S_{jm}) yang berinteraksi dengan individu yang terinfeksi virus H1N1-p (I_{1jm}) akan langsung menjadi bagian dari sub populasi E_{1jm} , dan individu *susceptible*, baik unggas maupun manusia, yang berinteraksi dengan unggas yang terinfeksi H5N1 (I_{2ju}) akan langsung terinfeksi.

Dengan demikian, model evolusi yang diperoleh akan berbeda, dan nilai reproduksi dasar yang didapat juga berbeda.

4.4 Menentukan Nilai Bilangan Reproduksi Dasar (R_0)

Penentuan angka reproduksi dasar dari sistem Persamaan diawali dengan pembentukan matriks Jacobi. Sebelum membentuk matriks Jacobi, terlebih dahulu akan dibentuk matriks \mathcal{F}_i dan matriks \mathcal{V}_i yang elemen-elemennya menyatakan individual baru terinfeksi dan perubahan individual pada masing-masing subpopulasi. Jika $\mathcal{F}_i, \mathcal{V}_i$ memenuhi 5 asumsi dasar maka dapat dibangun matriks Jacobi $F = (\frac{\partial \mathcal{F}_i}{\partial x_j})$ dan $V = (\frac{\partial \mathcal{V}_i}{\partial x_j})$ dan reproduksi dasar dapat dinyatakan sebagai radius spektral dari matriks FV^{-1} . Adapun Persamaan (2.11) di atas dapat pula

dijabarkan berdasarkan daerah penyebaran virus, sehingga diperoleh 3 sistem Persamaan berikut:

- a. Reduksi model matematika penyebaran virus H1N1-p pada manusia

$$\begin{aligned}\frac{dS_{jm}}{dt} &= -kE_{1jm} - dS_{jm} + bS_{jm} + \mu_1 S_{km} - \mu_2 S_{jm} + oS_{jm} + q_1 S_{jm} + q_2 S_{jm} \\ \frac{dE_{1jm}}{dt} &= kE_{1jm} - pI_{1jm} - dE_{1jm} - bE_{1jm} + \mu_1 \sigma E_{1km} - \mu_2 E_{1jm} - nE_{1jm} \\ \frac{dI_{1jm}}{dt} &= pI_{1jm} - dI_{1jm} - bI_{1jm} - uI_{1jm}\end{aligned}\quad (4.11)$$

- b. Reduksi model matematika penyebaran virus H5N1 pada manusia

$$\begin{aligned}\frac{dS_{2jm}}{dt} &= -aI_{2jm} - dS_{2jm} + bS_{2jm} + \mu_1 S_{km} - \mu_2 S_{2jm} + q_2 S_{2jm} \\ \frac{dI_{2jm}}{dt} &= aI_{2jm} - dI_{2jm} - bI_{2jm} - vI_{2jm}\end{aligned}\quad (4.12)$$

- c. Reduksi model matematika penyebaran virus H5N1 pada unggas

$$\begin{aligned}\frac{dS_{2ju}}{dt} &= -sI_{2ju} - dS_{2ju} + bS_{2ju} + \mu_1 S_{ku} - \mu_2 S_{2ju} \\ \frac{dI_{2ju}}{dt} &= sI_{2ju} - dI_{2ju} - bI_{2ju}\end{aligned}\quad (4.13)$$

Dengan melihat sistem Persamaan matriks \mathcal{F}_i dan matriks \mathcal{V}_i pada setiap sistem Persamaan di atas maka akan diperoleh tiga nilai bilangan reproduksi dasar, yakni R_0 virus H1N1-p, R_0 virus H5NI pada manusia dan R_0 H5N1 pada unggas.

4.3.1 Bilangan Reproduksi Dasar Virus H1N1-P

Untuk menentukan bilangan reproduksi dasar virus H1N1-p, maka perlu memperhatikan subpopulasi (S_m, E_{1m}, I_m) pada Persamaan (4.11), sehingga diperoleh matriks \mathcal{F}_i dan matriks \mathcal{V}_i sebagai berikut,

$$\mathcal{F}_i = \begin{bmatrix} 0 \\ kE_{1jm} \\ pI_{1jm} \end{bmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}_i = \begin{bmatrix} kE_{1jm} + dS_{jm} - bS_{jm} - \mu_2 S_{jm} - oS_{jm} - q_1 S_{jm} \\ pI_{1jm} + dE_{1jm} + bE_{1jm} - \mu \sigma E_m + \mu E_m + nE_m \\ dI_{1jm} + bI_{1jm} + uI_{1jm} \end{bmatrix}$$

dengan $\mathcal{F}_i(X, t)$ merupakan matriks dengan elemen-elemennya berbentuk parameter dari individual yang baru terinfeksi pada kompartemen i , dan $\mathcal{V}_i(X, t)$

menyatakan matriks dengan elemen-elemen berbentuk parameter dari individual yang keluar dan masuk pada kompartemen i .

Diberikan $x = (S_{jm}, E_{1jm}, I_{jm})$ dengan $S_{jm}, E_{1jm}, I_{1jm} \geq 0$. Misalkan diberikan X_s adalah himpunan dari semua titik kesetimbangan bebas penyakit, maka $X_s = \{x \geq 0 \mid E_{1m}, I_{1m} = 0\}$.

Maka fungsi \mathcal{F}_i , \mathcal{V}_i^- dan \mathcal{V}_i^+ harus memenuhi asumsi dasar sebagai berikut:

1. Jika $x \geq 0$ maka \mathcal{F}_i , \mathcal{V}_i^- , $\mathcal{V}_i^+ \geq 0$

Artinya terdapat individu pada subpopulasi *susceptible*, *exposed*, dan *Infected* yang apabila terjadi kontak dengan individu *Infected* mengakibatkan terjadinya individu *exposed*, dan *Infected* baru serta menimbulkan adanya perubahan pada populasi. Sehingga \mathcal{F}_i , \mathcal{V}_i^- dan \mathcal{V}_i^+ dari model terpenuhi.

2. Jika $E_{1jm}, I_{1jm}, I_{2ju} = 0$ maka $\mathcal{V}_i^- = 0$ Secara khusus, jika $x \in X_s$ maka $\mathcal{V}_i^- = 0$. Artinya jika sebuah populasi *Infected* kosong dikarenakan kematian alami atau infeksi, maka tidak ada individu yang keluar dari populasi tersebut.

3. $F_i = 0$, jika $i > m$.

Artinya untuk kondisi selanjutnya berdasarkan dari fakta sederhana bahwa timbulnya infeksi untuk kompartemen yang tidak terinfeksi adalah nol,

4. Jika $x \in X_s$ maka $F_i(x) = 0$ dan $\mathcal{V}_i^+ = 0$ untuk $i = 1, \dots, m$

Artinya jika subruang bebas penyakit adalah invariant, diasumsikan bahwa jika populasi bebas dari penyakit maka populasi akan tetap bebas dari penyakit (tidak ada imigrasi atau infeksi).

5. Berdasarkan turunan dari f di dekat titik kesetimbangan bebas penyakit (DFE), didefinisikan DFE dari f adalah penyelesaian kestabilan lokal dari titik kesetimbangan bebas penyakit, dengan terbatas f ke X_s . Jika populasi ada disekitar DFE, maka populasi akan kembali ke DFE.

Kemudian diketahui populasi yang terinfeksi adalah E_1 dan I_1 , maka didapatkan $m=2$. Kemudian dibentuk matriks Jacobi yang diturunkan terhadap individu yang terinfeksi dan disubstitusikan titik kesetimbangan bebas penyakit sehingga diperoleh:

$$F = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial S} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial I_1} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial S} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_2}{\partial I_1} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial S} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{F}_3}{\partial I_1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} k & 0 \\ 0 & p \end{bmatrix} \text{ dan}$$

$$V = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial S} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial I_1} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial S} & \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_2}{\partial I_1} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_3}{\partial S} & \frac{\partial \mathcal{V}_3}{\partial E_1} & \frac{\partial \mathcal{V}_3}{\partial I_1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} d-b+\mu_2-o-q_1 & k & 0 \\ 0 & d+b+n+\mu_2 & p \\ 0 & 0 & d+b+u \end{bmatrix}$$

Menurut Lemma 2.1, Matriks V merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika terdapat bilangan r_1 dan matriks C sedemikian sehingga $r_1 > \rho(C)$ yang memenuhi $V = r_1 I - C$. Selanjutnya, akan dibuktikan bahwa V merupakan M-matriks non singular.

$$V = r_1 I - C \Rightarrow V = r_1 \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} c_1 & c_2 \\ c_3 & c_4 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} d-b+\mu_2-o-q_1 & k & 0 \\ 0 & d+b+n+\mu_2 & p \\ 0 & 0 & d+b+u \end{bmatrix} = r_1 \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} c_1 & c_2 & c_3 \\ c_4 & c_5 & c_6 \\ c_7 & c_8 & c_9 \end{bmatrix}$$

Didapat,

$$\begin{bmatrix} d-b+\mu_2-o-q_1 & k & 0 \\ 0 & d+b+n+\mu_2 & p \\ 0 & 0 & d+b+u \end{bmatrix} = r_1 \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} c_1 & c_2 & c_3 \\ c_4 & c_5 & c_6 \\ c_7 & c_8 & c_9 \end{bmatrix}$$

$$\text{Dengan } r_1 = b + d + \mu_2 \text{ dan } C = \begin{bmatrix} 2b+o+q_1 & -k & 0 \\ 0 & -n & 0 \\ 0 & 0 & u+\mu_2 \end{bmatrix}.$$

$$\begin{aligned} \rho(C) &= \max\{|\lambda_1|, |\lambda_2|, |\lambda_3|\} \\ \text{Dari matriks } C, \text{ diperoleh: } &= \max\{|2b+o+q_1|, |-n|, |u+\mu_2|\} \\ &= 2b+o+q_1 \end{aligned}$$

Dari perhitungan di atas diperoleh $r_1 = b + d + \mu_2$ dan $\rho(C) = 2b + o + q_1$, dengan o dan q_1 adalah rate kesembuhan alami. Sehingga dapat terlihat $b + d + \mu_2 > 2b + o + q_1$, jadi terbukti V merupakan matriks M-matriks non singular. Setelah mendapatkan matriks jacobinya, kemudian dibentuk matriks generasi selanjutnya, yaitu:

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} \frac{k}{d+b+n-\mu_2} & \frac{-pk}{(d+b-\mu_2)(d+b)} \\ 0 & \frac{p}{d+b+u} \end{bmatrix}$$

Kemudian mencari nilai eigen dari matriks FV^{-1} , yaitu $|FV^{-1} - \lambda I| = 0$, maka

$$\begin{vmatrix} \frac{k}{d+b+n-\mu_2} & \frac{-pk}{(d+b+n-\mu_2)(d+b+u)} \\ 0 & \frac{p}{d+b+u} \end{vmatrix} = 0$$

Dimisalkan, $A = \frac{k}{d+b+n-\mu_2}$, $B = \frac{-pk}{(d+b+n-\mu_2)(d+b+u)}$ dan $C = \frac{p}{d+b+u}$

Maka diperoleh $\begin{vmatrix} A-\lambda & B \\ 0 & C-\lambda \end{vmatrix} = 0 \Rightarrow (A-\lambda)(C-\lambda) = 0 \Rightarrow \lambda_1 = A \text{ dan } \lambda_2 = C$

Angka reproduksi dasar adalah *spectral radius* dari operator generasi selanjutnya, yaitu:

$$\begin{aligned} R_0 &= \rho(FV^{-1}) \\ &= \max\{|\lambda_1|, |\lambda_2|\} \\ &= \max\{|A|, |C|\} \\ &= \max\left\{\left|\frac{k}{d+b+n-\mu_2}\right|, \left|\frac{p}{d+b+u}\right|\right\} \end{aligned}$$

Sehingga diperoleh, $R_0 = \left|\frac{k}{d+b+n-\mu_2}\right|$ atau $R_0 = \frac{p}{(d+b+u)}$.

4.3.2 Bilangan Reproduksi Dasar Virus H5N1 pada Manusia

Untuk menentukan bilangan reproduksi dasar virus H5N1 pada manusia, maka perlu diperhatikan subpopulasi (S_{2m}, I_{2m}) pada Persamaan (4.12), sehingga didapatkan matriks \mathcal{F}_i dan \mathcal{V}_i sebagai berikut,

$$\mathcal{F}_i = \begin{bmatrix} 0 \\ aI_{2m} \end{bmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}_i = \begin{bmatrix} aI_{2m} + dS_m - bS_m - q_2S_m \\ dI_{2m} + bI_{2m} + vI_{2m} \end{bmatrix}$$

Dari matriks \mathcal{F}_i di atas, diketahui populasi yang terinfeksi adalah I_{2m} , maka didapatkan $m=1$. Dengan pembuktian yang sama pada langkah sebelumnya, dapat dibuktikan bahwa \mathcal{V}_i yang diperoleh dari Persamaan (4.12) juga memenuhi 5 asumsi Vandriese. Sehingga, kemudian dapat dibentuk matriks Jacobinya, sebagai

$$\text{berikut: } F_i = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial S_m} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial I_{2m}} \\ \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial S_m} & \frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial I_{2m}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ a \end{bmatrix} \text{ dan } V_i = \begin{bmatrix} \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial S_m} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial I_{2m}} \\ \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial S_m} & \frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial I_{2m}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} d-b-q_2 & a \\ 0 & d+b+v \end{bmatrix}$$

Menurut Lemma 2.1, Matriks V merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika terdapat bilangan r_2 dan matriks C sedemikian sehingga $r_2 > \rho(C)$ yang memenuhi $V = r_2I - C$. Selanjutnya akan dibuktikan bahwa V merupakan M-matriks non singular.

$$V = r_2I - C \Rightarrow V = r_2 \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} c_1 & c_2 \\ c_3 & c_4 \end{bmatrix}$$

Untuk, $r_2 = d$ didapat matriks $C = \begin{bmatrix} b+q & -s \\ 0 & -(b+v) \end{bmatrix}$ yang memenuhi Persamaan

$V = r_3I - C$. Dari matriks C diperoleh $\rho(C) = b+q$ atau $\rho(C) = b+v$, dengan q_2 dan v adalah rate kesembuhan alami. Pada saat virus mewabah, akan mungkin terdapat kondisi dimana rate kematian lebih besar daripada jumlah rate kelahiran dan rate kesembuhannya, atau dengan kata lain terdapat kondisi dimana $d > b+q$ atau $d > b+v$. Sehingga $r_2 > \rho(C)$ dapat terpenuhi, dengan demikian terbukti bahwa matriks V merupakan M-matriks non singular.

Dari matriks jacobi yang telah diperoleh, kemudian dapat dibentuk matriks generasi selanjutnya, yaitu

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \frac{a}{d+b+v} \end{bmatrix}$$

Kemudian mencari nilai eigen dari matriks FV^{-1} , yaitu $|FV^{-1} - \lambda I| = 0$, maka

$$\begin{vmatrix} -\lambda & 0 \\ 0 & \frac{a}{d+b+v} - \lambda \end{vmatrix} = 0, \text{ didapat } \lambda_1 = 0 \text{ dan } \lambda_2 = \frac{a}{(d+b+v)}$$

Sehingga diperoleh $R_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{a}{(d+b+v)}$.

4.3.3 Bilangan Reproduksi Dasar Virus H5N1 pada Unggas

Untuk menentukan bilangan reproduksi dasar virus H1N1-p, maka perlu diperhatikan subpopulasi (S_{2u}, I_{2u}) pada Persamaan (4.13), sehingga didapatkan matriks \mathcal{F}_i dan \mathcal{V}_i sebagai berikut,

$$\mathcal{F}_i = \begin{bmatrix} 0 \\ sI_{2u} \end{bmatrix} \text{ dan } \mathcal{V}_i = \begin{bmatrix} dS_{2u} - bS_{2u} + sI_{2u} \\ dI_{2u} + bI_{2u} \end{bmatrix}$$

Dari matriks \mathcal{F}_i dan \mathcal{V}_i diketahui populasi yang terinfeksi hanya I_{2u} , maka didapatkan $m=1$. Dengan langkah yang sama seperti sebelumnya dapat ditunjukkan bawah Persamaan (4.12) juga memenuhi 5 asumsi Vandriese. Sehingga dari matriks \mathcal{F}_i dan \mathcal{V}_i yang ada dapat dibentuk matriks Jacobinya, sehingga diperoleh:

$$F = \begin{bmatrix} 0 \\ s \end{bmatrix} \text{ dan } V = \begin{bmatrix} d-b & s \\ 0 & d+b \end{bmatrix}$$

Menurut Lemma 2.1, Matriks V merupakan M-matriks non singular jika dan hanya jika terdapat bilangan r_3 dan matriks C sedemikian sehingga $r_3 > \rho(C)$ yang memenuhi $V = r_3 I - C$.

Selanjutnya akan dibuktikan bahwa V merupakan M-matriks non singular.

$$V = r_3 I - C \Rightarrow V = r_3 \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} c_1 & c_2 \\ c_3 & c_4 \end{bmatrix}$$

Untuk, $r_3 = d$ didapat matriks $C = \begin{bmatrix} b & -s \\ 0 & -b \end{bmatrix}$ yang memenuhi Persamaan $V = r_3 I - C$

Dari matriks C diperoleh $\rho(C) = b$. Pada saat tertentu, terdapat kondisi dimana $d > b$. Jadi terbukti bahwa terdapat $r_3 > \rho(C)$, dengan demikian terbukti bahwa matriks V merupakan M-matriks non singular. Setelah mendapatkan matriks jacobinya, kemudian dibentuk matriks generasi selanjutnya, yaitu

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \frac{s}{d+b} \end{bmatrix}$$

Kemudian mencari nilai eigen dari matriks FV^{-1} , yaitu $|FV^{-1} - \lambda I| = 0$, maka

$$\begin{vmatrix} -\lambda & 0 \\ 0 & \frac{s}{d+b} - \lambda \end{vmatrix} = 0, \text{ didapat } \lambda_1 = 0 \text{ dan } \lambda_2 = \frac{s}{d+b}$$

Sehingga diperoleh $R_0 = \frac{s}{(d+b)}$.

4.5 Analisis Kestabilan Model Pra-koalisi

Pada Sub bab ini akan dilakukan analisis kestabilan terhadap titik kesetimbangannya. Titik setimbang diperoleh jika

$$\frac{dS_m}{dt} = \frac{dE_{1m}}{dt} = \frac{dI_{1m}}{dt} = \frac{dI_{2m}}{dt} = \frac{dS_{2u}}{dt} = \frac{dI_{2u}}{dt} = 0, \text{ sehingga dengan melihat Persamaan}$$

(4.11-4.13) diperoleh Persamaan ((4.14)-(4.19)) sebagai suatu sistem:

$$-aI_{2jm} - kE_{1jm} - dS_{jm} + bS_{jm} + \mu_1 S_{km} - \mu_2 S_{jm} + oS_{jm} + q_1 S_{jm} + q_2 S_{jm} = 0 \quad (4.14)$$

$$kE_{1jm} - pI_{1jm} - dE_{1jm} - bE_{1jm} + \mu_1 \sigma E_{1km} - \mu_2 E_{1jm} - nE_{jm} = 0 \quad (4.15)$$

$$pI_{1jm} - dI_{1jm} - bI_{1jm} - uI_{jm} = 0 \quad (4.16)$$

$$aI_{2jm} - dI_{2jm} - bI_{2jm} - vI_{2jm} = 0 \quad (4.17)$$

$$-sI_{2ju} - dS_{2ju} + bS_{2ju} + \mu_1 S_{2ku} - \mu_2 S_{2ju} = 0 \quad (4.18)$$

$$sI_{2ju} - dI_{2ju} - bI_{2ju} = 0 \quad (4.19)$$

Titik setimbang bebas penyakit diperoleh ketika $I_{1jm} = I_{2jm} = I_{2ju} = 0$ dan $E_{1jm} = 0$. Substitusi $I_{2ju} = 0$ dan $S_{2ju} \neq 0$ ada Persamaan (4.20), transmisi kedua lokasi bersifat identik maka $\mu S_{2ku} = \mu S_{2ju}$, $\mu S_{km} = \mu S_{jm}$,

sehingga diperoleh,

$$(-d+b)S_{2ju} = 0$$

$$(-d+b) = 0$$

$$b = d$$

Substitusi $I_{1jm} = 0$ dan $I_{2jm} = 0$ pada Persamaan (4.15), maka diperoleh:

$$-dS_{jm} + bS_{jm} + oS_{jm} + q_1S_{jm} + q_2S_{jm} = 0$$

$$(o+q_1+q_2)S_{jm} = 0$$

$$o+q_1+q_2 = 0$$

Sehingga diperoleh titik setimbang bebas penyakit $E^0 = (S_{jm}, 0, 0, 0, S_{2ju}, 0)$.

Sedangkan titik setimbang endemik diperoleh ketika

$I_{1jm} \neq 0, I_{2jm} \neq 0$, dan $I_{2ju} \neq 0$ misal $I_{1jm} = x_1, I_{2jm} = x_2$, dan $I_{2ju} = x_3$.

Substitusi $I_{2ju} = x_3$ pada Persamaan (4.19), diperoleh

$$(b-d)S_{2ju} - sI_{2ju} = 0$$

$$(b-d)S_{2ju} - sx_3 = 0$$

$$(b-d)S_{2ju} = sx_3$$

$$S_{2ju} = \frac{sx_3}{(b-d)} \quad (i)$$

Substitusi $I_{1jm} = x_1$ pada Persamaan (4.17), diperoleh

$$(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)E_{1jm} - px_1 = 0$$

$$(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)E_{1jm} = px_1$$

$$E_{1jm} = \frac{px_1}{(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)} \quad (ii)$$

Substitusi $I_{2jm} = x_1$ dan (ii) pada Persamaan (4.16),

$$-ax_2 - k\left(\frac{px_1}{(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)}\right) + (-d+b+o+q_1+q_2)S_{jm} = 0$$

$$(-d+b+o+q_1+q_2)S_{jm} = ax_2 + \left(\frac{kpx_1}{(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)}\right)$$

$$S_{jm} = \frac{ax_2 + \left(\frac{kpx_1}{(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)}\right)}{b-d+o+q_1+q_2}$$

Persamaan (i), (ii), (vii) dan (viii) adalah titik kesetimbangan endemik

$$E^* = \left(\frac{ax_2 + \left(\frac{kpx_1}{(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)}\right)}{b-d+o+q_1+q_2}, \frac{px_1}{(k-d-b+\mu\sigma-\mu-n)}, x_1, x_2, \frac{sx_3}{(b-d)}, x_3 \right)$$

Setelah menentukan titik setimbang pada model pra-koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1, selanjutnya kan ditentukan kestabilan di setiap titik setimbang dengan cara mencari nilai eigen matriks jacobian dari model (4.15-4.20) tersebut, dan diperoleh sebagai berikut:

$$J = \begin{bmatrix} \frac{\partial S}{\partial S} & \frac{\partial S}{\partial E} & \frac{\partial S}{\partial I_{1m}} & \frac{\partial S}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial S}{\partial S_{2u}} & \frac{\partial S}{\partial I_{2u}} \\ \frac{\partial E}{\partial S} & \frac{\partial E}{\partial E} & \frac{\partial E}{\partial I_{1m}} & \frac{\partial E}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial E}{\partial S_{2u}} & \frac{\partial E}{\partial I_{2u}} \\ \frac{\partial S}{\partial I_{1m}} & \frac{\partial E}{\partial I_{1m}} & \frac{\partial I_{1m}}{\partial I_{1m}} & \frac{\partial I_{1m}}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial S_{2u}}{\partial I_{1m}} & \frac{\partial I_{2u}}{\partial I_{1m}} \\ \frac{\partial S}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial E}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial I_{1m}}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial I_{2m}}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial S_{2u}}{\partial I_{2m}} & \frac{\partial I_{2u}}{\partial I_{2m}} \\ \frac{\partial S}{\partial S_{2u}} & \frac{\partial E}{\partial S_{2u}} & \frac{\partial I_{1m}}{\partial S_{2u}} & \frac{\partial I_{2m}}{\partial S_{2u}} & \frac{\partial S_{2u}}{\partial S_{2u}} & \frac{\partial I_{2u}}{\partial S_{2u}} \\ \frac{\partial S}{\partial I_{2u}} & \frac{\partial E}{\partial I_{2u}} & \frac{\partial I_{1m}}{\partial I_{2u}} & \frac{\partial I_{2m}}{\partial I_{2u}} & \frac{\partial S_{2u}}{\partial I_{2u}} & \frac{\partial I_{2u}}{\partial I_{2u}} \end{bmatrix}$$

$$J = \begin{bmatrix} -d + b + o + q_1 + q_2 & -k & 0 & -a & 0 & 0 \\ -n & k - d - b - n + \mu_2 & -p & 0 & 0 & 0 \\ -u & 0 & p - d - b - u & 0 & 0 & 0 \\ -v & 0 & 0 & a - d - b - v & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & b - d & -s \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & s - d - b \end{bmatrix}$$

$$J = \begin{bmatrix} A & -k & 0 & -a & 0 & 0 \\ 0 & B & -p & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & C & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & D & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & E & -s \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & F \end{bmatrix}$$

Dengan

$$A = b - d + o + q_1 + q_2, C = p - d - b - u, E = b - d$$

$$B = k - d - b - n + \mu_2, D = a - d - b - v, \text{ dan } F = s - d - b$$

Selanjutnya dengan menyelesaikan Persamaan karakteristik $|J - \lambda I| = 0$, diperoleh

$$\begin{bmatrix} A-\lambda & -k & 0 & -a & 0 & 0 \\ 0 & B-\lambda & -p & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & C-\lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & D-\lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & E-\lambda & -s \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & F-\lambda \end{bmatrix} = 0$$

Dengan menggunakan ekspansi kofaktor, diperoleh:

$$(A-\lambda) \begin{vmatrix} B-\lambda & -p & 0 & 0 & 0 \\ 0 & C-\lambda & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & D-\lambda & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & E-\lambda & -s \\ 0 & 0 & 0 & 0 & F-\lambda \end{vmatrix} = 0$$

$$(A-\lambda)(B-\lambda)(C-\lambda) \begin{vmatrix} D-\lambda & 0 & 0 \\ 0 & E-\lambda & -s \\ 0 & 0 & F-\lambda \end{vmatrix} = 0$$

$$(A-\lambda)(B-\lambda)(C-\lambda)(D-\lambda)(F-\lambda)(E-\lambda) = 0$$

maka di dapat,

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= A = b - d + o + q_1 + q_2 & \lambda_4 &= D = a - d - b - v \\ \lambda_2 &= B = k - d - b - n + \mu_2 & \lambda_5 &= E = b - d \\ \lambda_3 &= C = p - d - b - u & \lambda_6 &= F = s - d - b \end{aligned}$$

Sistem dikatakan bersifat stabil jika semua nilai $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \lambda_4, \lambda_5$ dan λ_6 bernilai negatif.

Perhatikan kembali Persamaan (4.14-4.19) di atas. Persamaan (4.14- 4.16), adalah Persamaan yang digunakan untuk menentukan titik setimbang pada model evolusi dengan penyebaran virus H1N1-p, dan Persamaan (4.14) dan (4.17) digunakan untuk menentukan titik setimbang pada model evolusi dengan penyebaran virus H5N1 pada manusia, dan Persamaan (4.18-4.19) digunakan untuk menentukan titik setimbang pada model evolusi dengan penyebaran virus H5N1 pada unggas.

Dengan demikian, $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ mempresentasikan sifat kestabilan sistem pada model penyebaran virus H1N1-p, sedangkan λ_1, λ_4 mempresentasikan sifat

kestabilan model penyebaran virus H5N1 pada manusia, dan λ_5, λ_6 mempresentasikan sifat kestabilan model penyebaran virus H5N1 pada unggas.

Sifat kestabilan pada model penyebaran virus H1N1-p dapat ditentukan dengan memperhatikan $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$, dengan, $\lambda_1 = b - d + o + q_1$, $\lambda_2 = k - d - b - n + \mu_2$ dan $\lambda_3 = p - d - b - u$. Setiap konstanta yang terdapat dalam $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ menyatakan suatu bilangan yang bernilai positif, dengan demikian dapat terlihat dengan jelas, bahwa $\lambda_1 > 0$, $\lambda_2 < 0$ dan $\lambda_3 < 0$, karena terdapat $\lambda_1 > 0$, maka dapat dikatakan bahwa sistem pada model penyebaran virus H1N1-p tidak stabil.

Sifat kestabilan pada model penyebaran virus H5N1 pada manusia dapat ditentukan dengan memperhatikan λ_1 dan λ_4 , dengan $\lambda_1 = b - d + q_2$ dan $\lambda_4 = a - d - b - v$, jelas bahwa $\lambda_4 < 0$. Pada penghitungan bilangan Reproduksi sebelumnya, didapatkan kondisi dimana $d > b + q_2$, sehingga diperoleh $\lambda_1 < 0$. Karena $\lambda_1, \lambda_4 < 0$, maka dapat dikatakan bahwa sistem pada model penyebaran virus H5N1 pada manusia stabil.

Selanjutnya, untuk model penyebaran virus H5N1 pada unggas dapat ditentukan dengan memperhatikan λ_5 dan λ_6 dengan $\lambda_5 = b - d$ dan $\lambda_6 = s - d - b$ jelas bahwa $\lambda_6 < 0$. Pada penghitungan bilangan Reproduksi sebelumnya, didapatkan kondisi dimana $d > b$, sehingga diperoleh $\lambda_5 < 0$. Karena $\lambda_5, \lambda_6 < 0$, maka dapat dikatakan bahwa sistem pada model penyebaran virus H5N1 pada unggas stabil. Karena ketiganya merupakan satu Sistem maka dengan demikian dapat dikatakan bahwa sistem bersifat tidak stabil.

4.6 Analisis Persistensi Model Pra-koalisi

Perhatikan konstruksi model pada (2.1) dan (2.2) didefinisikan bahwa $F; C(\Omega_1, R) \rightarrow C(\Omega_1, R)$ atau $F; C(\Omega_2, R) \rightarrow C(\Omega_2, R)$ dan aliran kontinu $G = (C, R, \pi)$ pada $C(\Omega_1, R)$ maupun $C(\Omega_2, R)$ maka untuk menunjukkan persistensi dari virus terhadap sistem digunakan definisi jika terdapat $\varepsilon_0 > 0$ sedemikian hingga untuk semua $x \in \Omega^*$, $\liminf_{t \rightarrow \infty} (d[S(x, t), I(y, t)]) > \varepsilon$, dikatakan *Strongly unifomly persisten*, sedangkan *Weakly unifomly persisten* jika terdapat $\varepsilon > 0$ sedemikian sehingga $\limsup_{t \rightarrow \infty} (d[S(x, t), I(y, t)]) > \varepsilon$ dengan $S(x, t) > 0$ dan $I(y, t) > 0$ dan Metric d didefinisikan sebagai kontak individu *susceptible* dengan terinfeksi sehingga terjadi transisi virus (Hariyanto, dkk., 2013).

Pada penelitian sebelumnya telah ditunjukkan bahwa model pra koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1 mempunyai penyelesaian tunggal dan postif dan sistem bersifat dinamik, dengan demikian dapat pula dikatakan bahwa sistem Persamaan ini *well possed*. Adapun penyelesaian dari model ini sebagai berikut:

Perhatikan Persamaan (4.9) yang telah direduksi. Akan dicari solusi Persamaan diferensial dari sistem tersebut. Dari Persamaan tersebut pada individu terinfeksi, untuk subpopulasi individu yang terinfeksi virus H1N1-p dinyatakan sebagai:

$$\frac{\partial I_{11m}}{\partial t} = D_{11}^I \frac{\partial^2 I_{11m}}{\partial x^2} - (-p + d + b + u) I_{11m}$$

Misal $C = -p + d + b + u$, sehingga Persamaan di atas menjadi

$$\frac{\partial I_{11m}}{\partial t} = D_{11}^I \frac{\partial^2 I_{11m}}{\partial x^2} - C I_{11m}$$

dengan transformasi cosinus Fourier $f^{(2)}(k) = -k^2 f(k) - \sqrt{\frac{2}{\pi}} f'(0)$, sehingga

diperoleh Persamaan diferensial berbentuk

$$\begin{aligned} \frac{dI_{11m}}{dt} &= D_{11}^I ((-ik)^2 I_{11m}(k) - \sqrt{\frac{2}{\pi}} \frac{dI_{11m}}{dx}(0) - C I_{11m} \\ &= -(D_{11}^I k^2 + C) I_{11m}(k) - \sqrt{\frac{2}{\pi}} \frac{dI_{11m}}{dx}(0) \end{aligned}$$

Akan dicari solusi untuk Persamaan tereduksi

$$\frac{dI_{11m}(k)}{dt} = -(D_{11m}'k^2 + C)I_{11m}(k)$$

Dengan menggunakan Persamaan karakteristik diperoleh

$$I_{11m}(k, t) = e^{\{- (D_{11m}'k^2 + C)t\}} I_{11m}(k, 0).$$

Kemudian akan dicari penyelesaian untuk Persamaan $\frac{dI_{11m}}{dt} = -\sqrt{\frac{2}{\pi}} \frac{dI_{11m}}{dx}(0)$

dengan menggunakan invers transformasi cosinus Fourier, didapat

$$\begin{aligned} I_{11m}(x, t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} I_{11m}(k, t) \cos kx \, dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} e^{\{- (D_{11m}'k^2 + C)t\}} I_{11m}(k, 0) \cos kx \, dk \end{aligned}$$

Menurut deret Mc Laurin,

$$\begin{aligned} e^{\{- (D_{11m}'k^2 + C)t\}} &= 1 + (D_{11m}'k^2 + C)t + \frac{(D_{11m}'k^2 + C)^2 t^2}{2!} + \frac{(D_{11m}'k^2 + C)^3 t^3}{3!} + \dots \\ &= 1 + \sum_{i=1}^n (-1)^i \frac{(D_{11m}'k^2 + C)^i t^i}{i!} \\ &= 1 + \sum_{i=1}^n \frac{1}{i!} \frac{\partial^i}{\partial k^i} e^{\{- (D_{11m}'k^2 + C)t\}} \end{aligned}$$

Sehingga, $I_{11m}(x, t) = \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} e^{\{- (D_{11m}'k^2 + C)t\}} I_{11m}(k, 0) \cos kx \, dk$, menjadi:

$$\begin{aligned} I_{11m}(x, t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left(1 + \sum_{i=1}^n \frac{k^i}{i!} \frac{\partial^i}{\partial k^i} e^{\{- (D_{11m}'k^2 + C)t\}}(0) \right) I_{11m}(k, 0) \cos kx \, dk \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left(1 + \sum_{i=1}^n \frac{1}{i!} \frac{\partial^i}{\partial k^i} e^{\{- (D_{11m}'k^2 + C)t\}}(0) \right) I_{11m}(k, 0) \cos kx \, dk \int_{\Omega} k^i I_{11m}(k, 0) \cos kx \, dk \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ct} \left\{ I_{11m}(x, 0) + \sum_{i=1}^n \frac{1}{i!} \frac{\partial^i}{\partial k^i} e^{\{- D_{11m}'k^2 t\}} (-1)^i \frac{\partial^i I_{11m}(x, 0)}{\partial x^i} \right\} \end{aligned}$$

Pada kondisi batas Newmann diketahui bahwa $\frac{dI_{11m}(x, t)}{dx}(0) = 0$. Hal ini berarti

jika pada domain $\partial\Omega$ tidak terdapat flux maka $\frac{dI_{11m}(x, t)}{dx} = 0$ dengan demikian

dapat diperoleh penyelesaian Persamaan berbentuk $I_{11m}(x, t) = \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ct} I_{11m}(x, 0)$.

Dengan cara yang sama, dapat pula diperoleh penyelesaian Persamaan model evolusi pada subpopulasi yang lain yaitu:

a. Penyelesaian model evolusi penyebaran virus H1N1-p pada manusia

$$\begin{aligned} S_{11m}(x,t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x,0) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-At} S_m(x,0) \text{ dengan } A = 1 - k + d - b - q_1 - o \\ E_{11m}(x,t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Bt} E_{11m}(x,0) + \frac{1}{\mu\sigma} \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Bt} E_m(x,0), \text{ dengan } B = -k + d + b + n + \mu_2 \\ I_{11m}(x,t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ct} I_{11m}(x,0), \text{ dengan } C = -p + d + b + u \end{aligned} \quad (4.20)$$

b. Penyelesaian model evolusi penyebaran virus H5N1 pada manusia

$$\begin{aligned} S_{21m}(x,t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+D)t} S_{21m}(x,0) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-Dt} S_m(x,0) \text{ dengan } D = 1 - a + d - b - q_2 \\ I_{21m}(x,t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ft} I_{21m}(x,0) \text{ dengan } F = -a + d + b + v \end{aligned} \quad (4.21)$$

c. Penyelesaian model evolusi penyebaran virus H5N1 pada unggas

$$\begin{aligned} S_{21U}(x,t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+G)t} S_{21U}(x,0) - \frac{2}{\pi} e^{-Gt} S_U(x,0) \text{ dengan } G = 1 - s + d - b \\ I_{21U}(x,t) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ht} I_{21U}(x,0) \text{ dengan } H = -s + d + b \end{aligned} \quad (4.22)$$

4.6.1 Analisis Persistensi dan R_0 Virus H1N1-p

Pada pembahasan berikut ini akan dilakukan analisa persistensi terhadap virus influenza H1N1-p dengan asumsi bahwa virus influenza H5N1 pada kondisi tunak, perhatikan model sistem berikut untuk $j = 1$.

$$\begin{aligned} \frac{\partial S_{1m}}{\partial t} &= D_j^S \frac{\partial^2 S_{1m}}{\partial x^2} - kE_{1m} - dS_{1m} + bS_{1m} + \mu S_{2m} - \mu S_{1m} + q_1 S_{1m} + oS_{1m} \\ \frac{\partial E_{11m}}{\partial t} &= D_{11}^E \frac{\partial^2 E_{11m}}{\partial x^2} + kE_{11m} - lE_{11m} - dE_{11m} - bE_{11m} + \mu\sigma E_{12m} - \mu E_{12m} - nE_{12m} \\ \frac{\partial I_{1m}}{\partial t} &= (D_{11}' + D_{21}') \frac{\partial^2 I_{1m}}{\partial x^2} + pI_{1m} - dI_{1m} - bI_{1m} - uI_{11m} \end{aligned}$$

dengan syarat batas $\frac{\partial S_{11m}}{\partial x}(0) = \frac{\partial E_{11m}}{\partial x}(0) = \frac{\partial I_{11m}}{\partial x}(0) = 0$ dan penyelesaian

seperti pada Persamaan (4.20) dan diambil $R_0 = \frac{p}{(d+b+u)}$.

Telah dibuktikan bahwa $S_{11m}(x, t)$ dan $I_{11m}(x, t)$ merupakan penyelesaian positif $\forall x \in \Omega$ dan $t \geq 0$, maka nilai dari $|S_{11m}(x, t) - I_{11m}(x, t)|$ juga berhingga, sehingga $\sup d(S_{11m}(x, t), I_{11m}(x, t))$ dan $\inf d(S_{11m}(x, t), I_{11m}(x, t))$ ada. Disamping itu, karena $S_{11m}(x, t)$ dan $I_{11m}(x, t)$ merupakan penyelesaian positif, maka untuk $e^{-2\mu t}$, e^{-At} dan e^{-Ct} adalah berhingga untuk variable t . Ini berarti domain dari $e^{-2\mu t}$, e^{-At} dan e^{-Ct} masing-masing adalah $[0, t_1]$, $[0, t_2]$, $[0, t_3] \subseteq [0, \infty]$. Hal ini berakibat nilai maksimum dan nilai minimum dari $e^{-2\mu t}$, e^{-At} dan e^{-Ct} ada.

Dengan mensubstitusikan hasil penyelesaian pada Persamaan 4.21, maka didapat:

$$\begin{aligned} d(S_{11m}, I_{11m}) &= \int_{\Omega} |S_{11m}(x, t) - I_{11m}(x, t)| dx \\ &= \int_{\Omega} \left| \left(\sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-At} S_m(x, 0) \right) - \left(\sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ct} I_{11m}(x, 0) \right) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{2} e^{-At} S_m(x, 0) - e^{-Ct} I_{11m}(x, 0) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{2} e^{-At} (S_{11m}(x, 0) + S_{12m}(x, 0)) - e^{-Ct} I_{11m}(x, 0) \right| dx \end{aligned}$$

Karena $e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0)$, $e^{-At} S_m(x, 0)$, dan $e^{-Ct} I_{11m}(x, 0)$ masing-masing fungsi monoton naik, maka $\exists N_1, N_2, N_3 > 0$ sedemikian hingga $\max \{e^{-(2\mu+A)t}\} = N_1$, $\max \{e^{-At}\} = N_2$ dan $\max \{e^{-Ct}\} = N_3$ untuk $S_{11m}(x, t)$ dan $I_{11m}(x, t)$ terbatas dengan $t \geq 0$. Lalu ambil, $t \leq t$ sehingga $N_1 = e^{-(2\mu+A)t}$ dan $N_2 = e^{-At}$, $N_3 = e^{-Ct}$ maka,

$$\begin{aligned} \liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{11m}, I_{11m}) &= \liminf_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| \left(\sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-At} S_m(x, 0) \right) - \left(\sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ct} I_{11m}(x, 0) \right) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \liminf_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{2} e^{-At} (S_{11m}(x, 0) + S_{12m}(x, 0)) - e^{-Ct} I_{11m}(x, 0) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| N_1 S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{2} N_2 (S_{11m}(x, 0) + S_{12m}(x, 0)) - N_3 I_{11m}(x, 0) \right| dx \end{aligned}$$

Diketahui, nilai awal dari model dinyatakan pada Persamaan (2.2), sebagai berikut $S_{11m}(x, 0) = S_{21m}(x, 0) = \sigma$ dan $I_{11m}(x, 0) = I_{11m0}$, maka dengan mensubstitusikan nilai awal yang ada, diperoleh:

$$\begin{aligned}
\liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{11m}, I_{11m}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| N_1 \sigma - \frac{1}{2} N_2 (\sigma + \sigma) - N_3 I_{11m0} \right| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} |N_1 \sigma - N_2 \sigma - N_3 I_{11m0}| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} x (N_1 - N_2) \sigma - N_3 I_{11m0} \Big|_0^{L_1} \\
&= \sqrt{\frac{2L_1}{\pi}} (N_1 - N_2) \sigma - N_3 I_{11m0}
\end{aligned}$$

Jelas $(1 - C) > 0$ sebab $I_{11m}(x, t) > 0$, jadi $\exists \varepsilon_0 > 0$ dengan $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2L_1}{\pi}} (N_1 - N_2) \sigma - N_3 I_{11m0}$ sedemikian hingga $\liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{11m}, I_{11m}) > \varepsilon_0$ ini artinya pada saat $R_0 > 1$ dan $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2L_1}{\pi}} (N_1 - N_2) \sigma - N_3 I_{11m0}$ virus H1N1 *strongly unifomly persisten*.

Sedangkan pada saat $R_0 < 1$, maka $A > 0$, $C > 0$, e^{-At} , dan e^{-Ct} masing-masing fungsi monoton naik untuk $[0, t_2]$ dan $[0, t_3]$, akibatnya $e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0)$, $e^{-At} S_m(x, 0)$, dan $e^{-Ct} I_{11m}(x, 0)$ fungsi monoton turun dan terbatas untuk $t \in [0, \infty)$, maka $\max \{e^{-At}\} = \max \{e^{-Ct}\} = \max \{e^{-(2\mu+A)t}\} = 1$ untuk $t \geq 0$. Akibatnya,

$$\begin{aligned}
\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{11m}, I_{11m}) &= \limsup_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| \left(\sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-At} S_m(x, 0) \right) - \left(\sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ct} I_{11m}(x, 0) \right) \right| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \limsup_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| e^{-(2\mu+A)t} S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{2} e^{-At} (S_{11m}(x, 0) + S_{12m}(x, 0)) - e^{-Ct} I_{11m}(x, 0) \right| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} \left| S_{11m}(x, 0) - \frac{1}{2} (S_{11m}(x, 0) + S_{12m}(x, 0)) - I_{11m}(x, 0) \right| dx \right)
\end{aligned}$$

Diketahui, nilai awal dari model dinyatakan pada Persamaan (2.2), sebagai berikut $S_{11m}(x, 0) = S_{21m}(x, 0) = \sigma$ dan $I_{11m}(x, 0) = I_{11m0}$, maka dengan mensubstitusikan nilai awal yang ada, diperoleh:

$$\begin{aligned}
\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{11m}, I_{11m}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} \left| \sigma - \frac{1}{2}(\sigma + \sigma) - I_{11m0} \right| dx \right) \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} I_{11m0} dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} x I_{11m} \Big|_0^{L_1} \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 I_{11m0}
\end{aligned}$$

jadi $\exists \varepsilon_0 > 0$ dengan $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 I_{11m0}$ sedemikian hingga $\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{11m}, I_{11m}) > \varepsilon_0$

ini artinya pada saat $R_0 < 1$, virus H1N1 *weakly unifomly persisten*.

4.6.2 Analisa R_0 dan Persistensi Virus H5N1 pada Manusia

Pada pembahasan berikut ini akan dilakukan analisa persistensi terhadap virus influenza H5N1 dengan asumsi bahwa virus influenza H5N1 pada kondisi tunak, perhatikan model sistem berikut:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial S_{21m}}{\partial t} &= D_1 S \frac{\partial^2 S_{21m}}{\partial x^2} - a I_{21m} - (d - b + \mu - q_2) S_{21m} + \mu S_{22m} \\
\frac{\partial I_{21m}}{\partial t} &= D_{21} \frac{\partial^2 I_{21m}}{\partial x^2} - (-a + d + b + v) I_{21m}
\end{aligned}$$

Dengan penyelesaian yang ditunjukkan oleh Persamaan (4.23) dan $R_0 = \frac{a}{d + b + v}$,

Jadi, $R_0 > 1 \Leftrightarrow A < 0$ dan $F < 0$, akibatnya e^{-At} dan e^{-Ft} masing-masing fungsi monoton naik untuk $t \geq 0$ serta $R_0 < 1 \Leftrightarrow A > 0$ dan $F > 0$, akibatnya e^{-At} dan e^{-Ft} masing-masing fungsi monoton turun untuk $t \geq 0$.

$$\begin{aligned}
d(S_{21m}, I_{21m}) &= \int_{\Omega} |S_{21m}(x, t) - I_{21m}(x, t)| dx \\
&= \int_{\Omega} \left| \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+D)t} S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-Dt} S_m(x, 0) - \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ft} I_{21m}(x, 0) \right| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| e^{-(2\mu+D)t} S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} e^{-Dt} S_m(x, 0) - e^{-Ft} I_{21m}(x, 0) \right| dx
\end{aligned}$$

Karena $e^{-(2\mu+D)t}$, e^{-At} dan e^{-Ft} masing-masing fungsi monoton naik dan terbatas untuk $S_{21m}(x, t)$ dan $I_{21m}(x, t)$ terbatas, $t \geq 0$ maka $\exists L_1, L_2 > 0$ sedemikian hingga

$N_4 = \max \left\{ e^{-(2\mu+D)t} \right\}$, $N_5 = \max \left\{ e^{-Dt} \right\}$ dan $N_6 = \max \left\{ e^{-Ft} \right\}$ untuk $S_{21m}(x, t)$ dan $I_{21m}(x, t)$ terbatas, $t \geq 0$. Lalu ambil, $t \leq t$ sehingga $L_1 = e^{-At}$ dan $L_1 = e^{-Ft}$ maka,

$$\begin{aligned} \liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{21m}, I_{21m}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \liminf_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| e^{-(2\mu+D)t} S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} e^{-Dt} S_m(x, 0) - e^{-Ft} I_{21m}(x, 0) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \liminf_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| N_4 S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} N_5 S_m(x, 0) - N_6 I_{21m}(x, 0) \right| dx \end{aligned}$$

Diketahui, nilai awal dari model dinyatakan pada Persamaan (2.2), sebagai berikut $S_{11m}(x, 0) = S_{21m}(x, 0) = \sigma$ dan $I_{21m}(x, 0) = I_{21m0}$, maka dengan mensubstitusikan nilai awal yang ada, diperoleh:

$$\begin{aligned} \liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{21m}, I_{21m}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \liminf_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| N_4 S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} N_5 S_m(x, 0) - N_6 I_{21m}(x, 0) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \liminf_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| N_4 S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} N_5 (S_{21m}(x, 0) + S_{22m}(x, 0)) - N_6 I_{21m}(x, 0) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| N_4 \sigma - \frac{1}{2} N_5 (\sigma + \sigma) - N_6 I_{21m0} \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| (N_4 - N_5) \sigma - N_6 I_{21m0} \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} x (N_4 - N_5) \sigma - N_6 I_{21m0} \Big|_0^{L_1} \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 (N_4 - N_5) \sigma - N_6 I_{21m0} \Big|_0^{L_1} \end{aligned}$$

Jelas $I_{21m}(x, t) > 0$, jadi $\exists \varepsilon_0 > 0$ dengan $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 (N_4 - N_5) \sigma - N_6 I_{21m0} \Big|_0^{L_1}$

sedemikian hingga $\liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{21m}, I_{21m}) > \varepsilon_0$ ini artinya pada saat $R_0 > 1$, virus

H5N1 pada unggas *strongly unifomly persisten*.

Sedangkan pada saat $R_0 < 1$, Karena e^{-Dt} , e^{-Ft} , dan $e^{-(2\mu+D)t}$ masing-masing fungsi monoton turun dan terbatas untuk $t \geq 0$, maka $\exists L_1, L_2 > 0$ maka

$\max \left\{ e^{-At} \right\} = \max \left\{ e^{-Ft} \right\} = \max \left\{ e^{-(2\mu+D)t} \right\} = 1$ untuk $t \geq 0$. Akibatnya,

$$\begin{aligned}
\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{21m}, I_{21m}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \limsup_{t \rightarrow \infty} \int_{\Omega} \left| e^{-(2\mu+D)t} S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} e^{-D_t} S_m(x, 0) - e^{-Ft} I_{21m}(x, 0) \right| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} S_m(x, 0) - I_{21m}(x, 0) \right| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| S_{21m}(x, 0) - \frac{1}{2} (S_{21m}(x, 0) + S_{22m}(x, 0)) - I_{21m}(x, 0) \right| dx
\end{aligned}$$

Diketahui nilai awal dari model dinyatakan pada Persamaan (2.2), sebagai berikut

$S_{11m}(x, 0) = S_{21m}(x, 0) = \sigma$ dan $I_{21m}(x, 0) = I_{21m0}$, maka dengan mensubstitusikan nilai awal yang ada, diperoleh:

$$\begin{aligned}
\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{21m}, I_{21m}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int_{\Omega} \left| \sigma - \frac{1}{2} (\sigma + \sigma) - I_{21m0} \right| dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \int I_{21m0} dx \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} x I_{21m0} \Big|_0^{L_1} \\
&= \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 I_{21m0}
\end{aligned}$$

jadi $\exists \varepsilon_0 > 0$ dengan $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 I_{21m0}$ sedemikian hingga $\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{21m}, I_{21m}) > \varepsilon_0$,

ini artinya pada saat $R_0 < 1$ dan $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 I_{21m0}$ virus H5N1 pada manusia *weakly uniformly persisten*.

4.5.3 Analisa R_0 Virus H5N1 pada Unggas

Perhatikan sistem model berikut,

$$\begin{aligned}\frac{\partial S_{21U}}{\partial t} &= D_{21}^S \frac{\partial^2 S_{21U}}{\partial x^2} - sI_{21U} - (d - b + \mu)S_{21U} + \mu S_{22U} \\ \frac{\partial I_{21U}}{\partial t} &= D_{21}^I \frac{\partial^2 I_{21U}}{\partial x^2} - (-s + d + b)I_{21U}\end{aligned}$$

Dengan penyelesaian yang ditunjukkan pada Persamaan (4.24) dan $R_0 = \frac{s}{d+b}$.

Jadi, $R_0 > 1 \Leftrightarrow G < 0$ dan $H < 0$, akibatnya e^{-Gt} dan e^{-Ht} masing-masing fungsi monoton naik untuk $t \geq 0$ serta $R_0 < 1 \Leftrightarrow G > 0$ dan $H > 0$, akibatnya e^{-Gt} dan e^{-Ht} masing-masing fungsi monoton turun untuk $t \geq 0$.

untuk $R_0 > 1$

$$\begin{aligned}d(S_{21u}, I_{21u}) &= \int_{\Omega} |S_{21u}(x, t) - I_{21u}(x, t)| dx \\ &= \int_{\Omega} \left| \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-(2\mu+G)t} S_{21U}(x, 0) - \frac{2}{\pi} e^{-Gt} S_U(x, 0) - \sqrt{\frac{2}{\pi}} e^{-Ht} I_{21U}(x, 0) \right| dx \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} |e^{-Ht} S_{21u}(x, 0) - e^{-Gt} I_{21u}(x, 0)| dx \right)\end{aligned}$$

Karena e^{-Gt} dan e^{-Ht} masing-masing fungsi monoton naik dan terbatas untuk $S_{21u}(x, t)$ dan $I_{21u}(x, t)$ terbatas, $t \geq 0$ maka $\exists Q_1, Q_2 > 0$ sedemikian hingga $Q_1 = \max \{e^{-Ht}\}$ dan $Q_2 = \max \{e^{-Gt}\}$ untuk $S_{21u}(x, t)$ dan $I_{21u}(x, t)$ terbatas, $t \geq 0$. Lalu ambil, $t \leq t$ sehingga $Q_1 = e^{-Ht}$ dan $Q_2 = e^{-Gt}$ maka,

$$\inf d(S_{21u}, I_{21u}) = \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} |Q_1 S_{21u}(x, 0) - Q_2 I_{21u}(x, 0)| dx \right)$$

Diketahui, nilai awal dari model dinyatakan pada Persamaan (2.2), sebagai berikut $S_{21u}(x, 0) = \sigma$ dan $I_{21u}(x, 0) = I_{21u0}$, maka dengan mensubstitusikan nilai awal yang ada, diperoleh:

$$\begin{aligned}\liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{21u}, I_{21u}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} |Q_1 S_{21u}(x, 0) - Q_2 I_{21u}(x, 0)| dx \right) \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(Q_1 \int_{\Omega} S_{21u}(x, 0) dx - Q_2 \int_{\Omega} I_{21u}(x, 0) dx \right) \\ &> \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 |Q_1 \sigma - Q_2 I_{21u}| \end{aligned}$$

Diperoleh $\liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{21u}, I_{21u}) = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 |Q_1 \sigma - Q_2 I_{21u}|$, jadi $\exists \varepsilon_0 > 0$ dengan

$\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 |Q_1 \sigma - Q_2 I_{21u}|$ sedemikian hingga $\liminf_{t \rightarrow \infty} d(S_{21u}, I_{21u}) > \varepsilon_0$ ini artinya

pada saat $R_0 > 1$, virus H5N1 pada unggas *strongly unifomly persisten*.

Sedangkan pada saat $R_0 < 1$, karena e^{-Ht} , e^{-Gt} , dan $e^{-\mu t}$ masing-masing fungsi monoton turun dan terbatas untuk $t \geq 0$, maka $\exists Q_1, Q_2 > 0$ maka $\max \{e^{-Ht}\} = \max \{e^{-Gt}\} = \max \{e^{-\mu t}\} = 1$ untuk $t \geq 0$. Akibatnya,

$$\sup d(S_{21u}, I_{21u}) = \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} |S_{21u}(x, 0) - I_{21u}(x, 0)| dx \right)$$

Diketahui, nilai awal dari model dinyatakan pada Persamaan (2.2), sebagai berikut $S_{21u}(x, 0) = \sigma$ dan $I_{21u}(x, 0) = I_{21u0}$, maka dengan mensubstitusikan nilai awal yang ada, diperoleh:

$$\begin{aligned} \limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{21u}, I_{21u}) &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} |S_{21u}(x, 0) - I_{21u}(x, 0)| dx \right) \\ &= \sqrt{\frac{2}{\pi}} \left(\int_{\Omega} S_{21u}(x, 0) dx - \int_{\Omega} I_{21u}(x, 0) dx \right) \\ &> \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 \end{aligned}$$

Diperoleh $\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{21u}, I_{21u}) > \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1$, jadi $\exists \varepsilon_0 > 0$ dengan $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} |P|$

sedemikian hingga $\limsup_{t \rightarrow \infty} d(S_{21u}, I_{21u}) > \varepsilon_0$ ini artinya pada saat $R_0 < 1$ dan

$\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1$ virus H5N1 pada unggas *weakly unifomly persisten*.

Secara keseluruhan, hubungan antara R_0 dan Persistensi virus pada model Pra-koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1 dapat dilihat pada tabel 4.2 berikut:

Tabel 4.2 Analisis Persistensi

Penyebaran virus	$R_0 > 1$	$R_0 < 1$
H1N1-p, H5N1 kondisi tunak	<ul style="list-style-type: none"> - Parameter yang berpengaruh: $p > b, q$ - Konstanta: $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 (N_1 - N_2) \sigma - N_3 I_{11m0}$ - Sifat persistensi: <i>Strongly unifomly persistent</i> 	<ul style="list-style-type: none"> - Parameter yang berpengaruh: $p < b$ - Konstanta $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 I_{11m0}$ - Sifat persistensi: <i>weakly unifomly persistent</i>
H5N1, H1N1-p kondisi tunak	<i>H5N1 pada Manusia</i>	
	<ul style="list-style-type: none"> - Parameter yang berpengaruh: $a > b$ - Konstanta $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 (N_4 - N_5) \sigma - N_6 I_{21m0}$ - Sifat persistensi: <i>Strongly unifomly persistent</i> 	<ul style="list-style-type: none"> - H5N1 pada Manusia - Parameter yang berpengaruh: $a < b$ - Konstanta ε_0: $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 I_{21m0}$ - Sifat persistensi: <i>weakly unifomly persistent</i>
	<i>H5N1 pada Unggas</i>	
	<ul style="list-style-type: none"> - Parameter yang berpengaruh: $s > b$ - Konstanta $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 Q_1 \sigma - Q_2 I_{21u0}$ - Sifat persistensi: <i>Strongly unifomly persistent</i> 	<ul style="list-style-type: none"> - Parameter yang berpengaruh: $s < b$ - Konstanta $\varepsilon_0 = \sqrt{\frac{2}{\pi}} L_1 \sigma - I_{21u0}$ - Sifat persistensi: <i>weakly unifomly persistent</i>

4.7 Simulasi Numerik

Pada bagian ini disimulasikan kestabilan dan persistensi model pra-koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1. Simulasi diselesaikan secara numerik dengan bantuan program MATLAB 2013. Hasil simulasi bertujuan untuk melihat kestabilan dan persistensi sistem titik setimbang pada bebas penyakit dan endemik, juga untuk mendapatkan *Gambaran* secara utuh perbandingan keadaan tiap subpopulasi pada saat $R_0 < 1$ dan $R_0 > 1$.

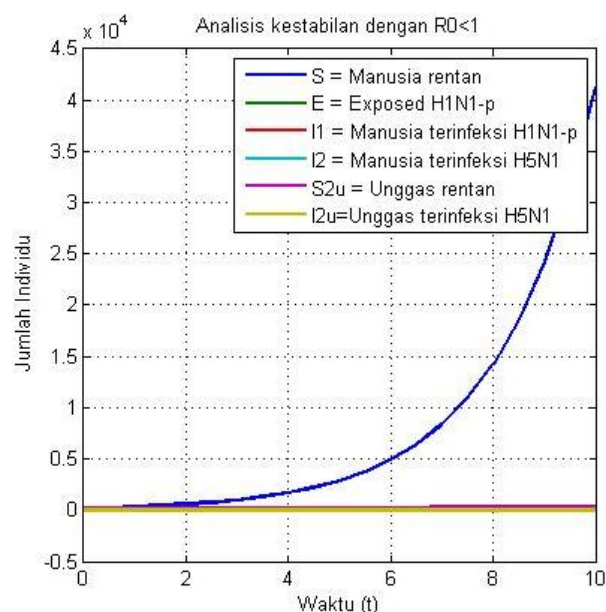
4.6.1 Simulasi Analisis Kestabilan pada Titik Setimbang Bebas Penyakit

Adapun nilai awal setiap populasi, masing-masing sebagai berikut:
 $S_{jm} = 200, E_{1jm} = 20, I_{1jm} = 20, I_{2jm} = 20, S_{2ju} = 200,$ dan $I_{2ju} = 20,$ dengan nilai awal parameter-parameter yang digunakan dalam simulasi adalah sebagai berikut:

Tabel 4.3 Nilai Parameter Saat $R_0 < 1$

Parameter	Nilai Parameter
a	0.0028
p	0.0049
k	0.0037
s	0.0073
μ_1	0.48
μ_2	0.52
σ	0.013
$q_1 = q_2$	0.24
$o = n$	0.13
$u = v$	0.17
b	0.35
d	0.35

Sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar untuk masing-masing virus adalah: $R_{0H1N1-p} = 0,006, R_{0H5N1m} = 0,0068,$ dan $R_{0H5N1u} = 0,0068.$



Gambar 4.2 Kestabilan pada Titik Setimbang Bebas Penyakit

Dari *Gambar 4.2*, dapat dilihat bahwa pada saat $R_0 < 1$, sistem dalam kondisi stabil di titik setimbang bebas penyakit $E^0 = (S_{jm}, 0, 0, 0, S_{2ju}, 0)$. Hal ini berarti tidak terjadi penularan penyakit di dalam sistem, oleh karenanya jumlah populasi $E_{1jm}; I_{1jm}; I_{2jm}; I_{2ju}$ terus berkurang, dari yang semula berjumlah 20 individu pada masing-masing subpopulasi menjadi $E_{1jm} = I_{1jm} = I_{2jm} = I_{2ju} = 0$, sedangkan jumlah S_{jm} maupun S_{2ju} terus bertambah, sebagai akibat dari jumlah individu terinfeksi dan *Exposed* yang sembuh.

4.6.2 Simulasi Analisis Kestabilan Pada Titik Setimbang Endemik

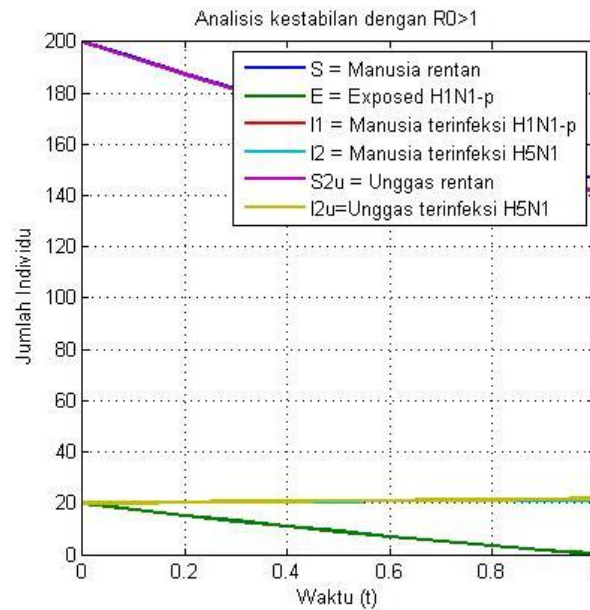
Pada saat $R_0 > 1$, terjadi penyebaran virus H1N1-p dan H5N1 yang sangat cepat dikarekan adanya kontak antara individu satu dengan individu yang lain, sehingga menyebabkan terjadinya endemik.

Adapun nilai awal setiap populasi, masing-masing sebagai berikut: $S_{jm} = 200, E_{1jm} = 20, I_{1jm} = 20, I_{2jm} = 20, S_{2ju} = 200$, dan $I_{2ju} = 20$, dengan nilai awal parameter-parameter yang digunakan dalam simulasi adalah sebagai berikut:

Tabel 4.3 Nilai Parameter Saat $R_0 > 1$

Parameter	Nilai Parameter
a	0.68
p	0.70
k	0.57
s	0.68
μ_1	0.58
μ_2	0.42
σ	0.013
$q_1 = q_2$	0.24
$o = n$	0.13
$u = v$	0.17
b	0.25
d	0.35

Sehingga diperoleh bilangan reproduksi dasar untuk masing-masing virus adalah: $R_{0H1N1-p} = 1,2804$, $R_{0H5N1m} = 1,2642$, dan $R_{0H5N1u} = 1,3$.



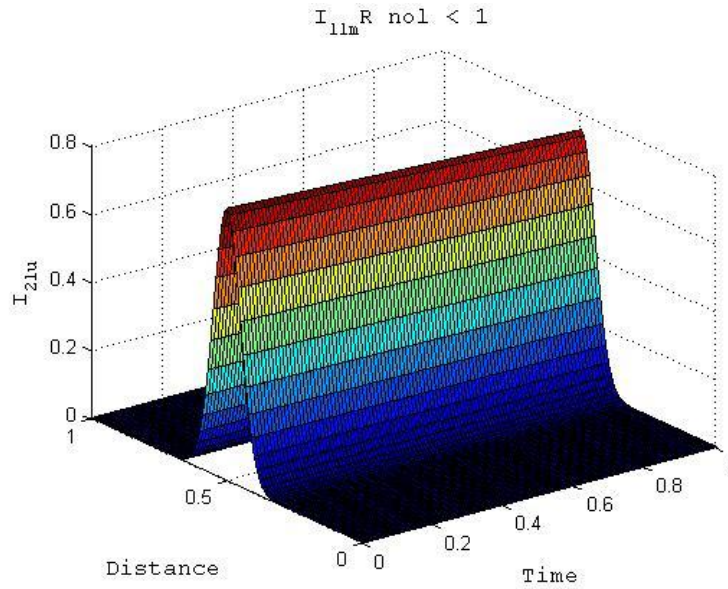
Gambar 4.3 Kestabilan pada Titik Setimbang Endemik

Dari Gambar 4.3 terlihat bahwa saat $R_0 > 1$ sistem dalam keadaan tidak stabil. Penyebaran virus terjadi dalam waktu yang sangat singkat, sehingga mengakibatkan penularan virus H1N1-p dan H5N1 dalam sistem. Hal ditunjukkan pada meningkatnya jumlah individu yang terinfeksi, baik pada subpopulasi manusia maupun unggas. Jumlah sub populasi *susceptible* dan *Exposed* terus berkurang dan menambah jumlah populasi manusia yang terinfeksi.

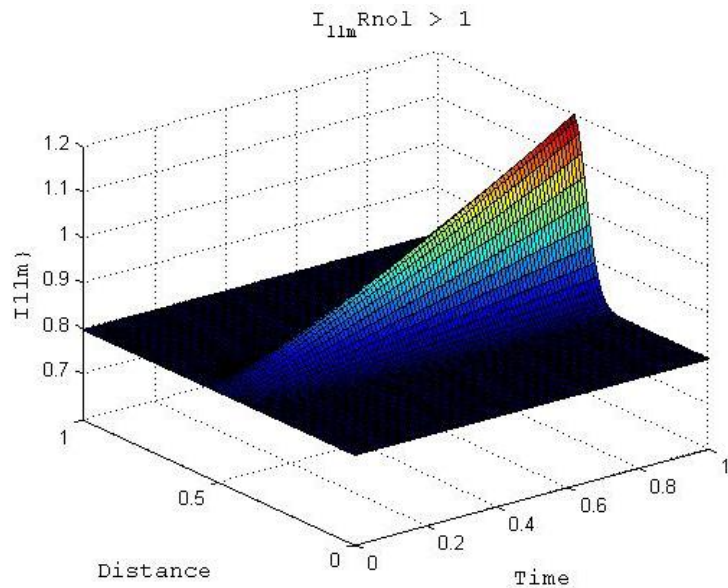
4.6.3 Simulasi Analisis Persistensi Virus H1N1-p

Persistensi model pra koalisi virus H1N1-p dan H5N1 dapat diamati melalui simulasi numerik terhadap masing-masing virus.

Gambar 4.4 dibawah ini merupakan grafik untuk persistensi virus H1N1-p pada subpopulasi manusia pada saat $R_0 < 1$, dimana pada saat tersebut, keberadaan virus dalam sistem berada dalam kondisi lemah. Semakin jauh jarak kontak, semakin kecil individu tersebut tertular, begitu pula sebaliknya, semakin dekat jaraknya semakin besar subpopulasi *susceptible* yang tertular. Pada Gambar 4.4 tampak bahwa terjadi peningkatan pada subpopulasi yang terinfeksi, akan tetapi, dapat dikatakan peningkatan tersebut dalam taraf wajar. Dengan demikian pada kondisi $R_0 < 1$ merupakan *weakly unifomly persistent*.



Gambar 4.4 Persistensi virus H1N1-p pada kondisi $R_0 < 1$

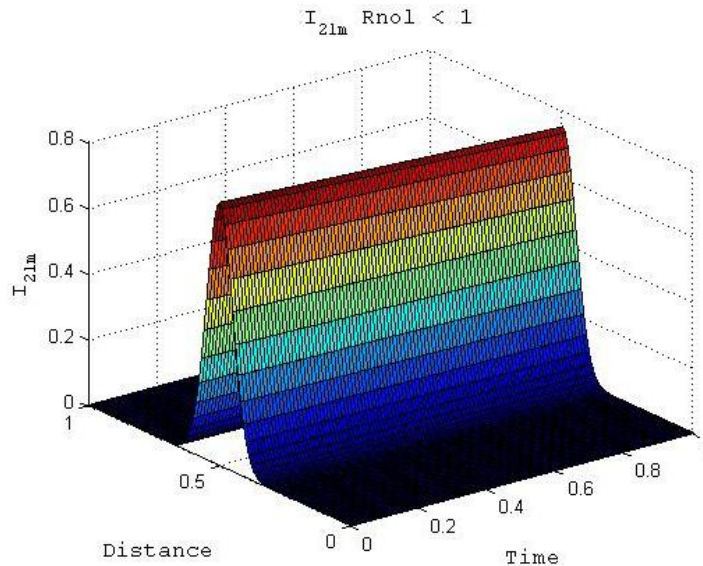


Gambar 4.5 Persistensi virus H1N1-p pada kondisi $R_0 > 1$

Kondisi $R_0 > 1$ adalah kondisi dimana sistem dalam keadaan tidak stabil. Yaitu kondisi dimana rata-rata individu yang terinfeksi mampu menginfeksi lebih dari satu individu sehingga terinfeksi. Dengan demikian, keberadaan virus dalam sistem berada dalam kondisi kuat. Dekatnya jarak antar individu subpopulasi, memungkinkan terjadinya kontak sehingga transmisi mudah terjadi. Pada Gambar 4.5 tampak bahwa peningkatan jumlah subpopulasi yang terinfeksi meningkat tajam. Dengan demikian pada kondisi $R_0 > 1$ merupakan *strongly uniformly*

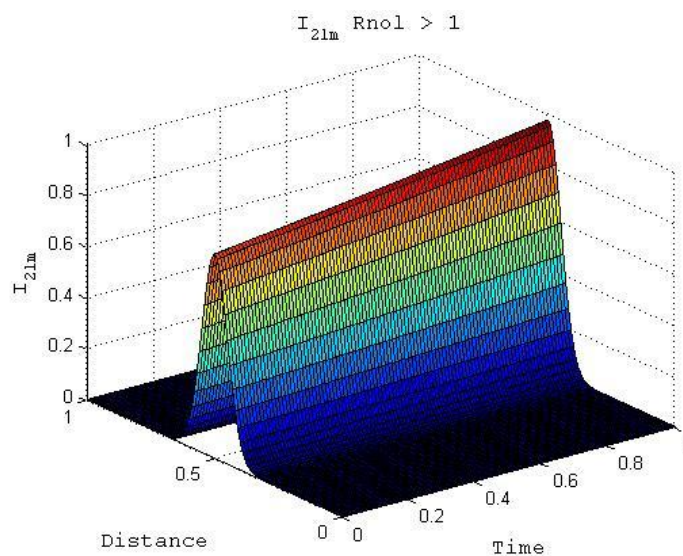
persistent. Adanya peningkatan jumlah individu yang terinfeksi, akan mempengaruhi jumlah individu *susceptible* dalam sistem.

4.6.4 Simulasi Analisis Persistensi virus H5N1 pada Manusia



Gambar 4.6 Persistensi virus H5N1 populasi manusia pada saat $R_0 < 1$

Gambar 4.6 merupakan grafik untuk persistensi virus H5N1 pada populasi manusia pada saat $R_0 < 1$. Tampak adanya peningkatan jumlah invidu yang terinfeksi, hal ini dikarenakan sifat virus H5N1 yang sangat pathogen terhadap manusia, akan tetapi peningkatan tersebut tidak sedrastis yang ditunjukkan pada Gambar 4.7, dimana pada saat itu $R_0 > 1$.

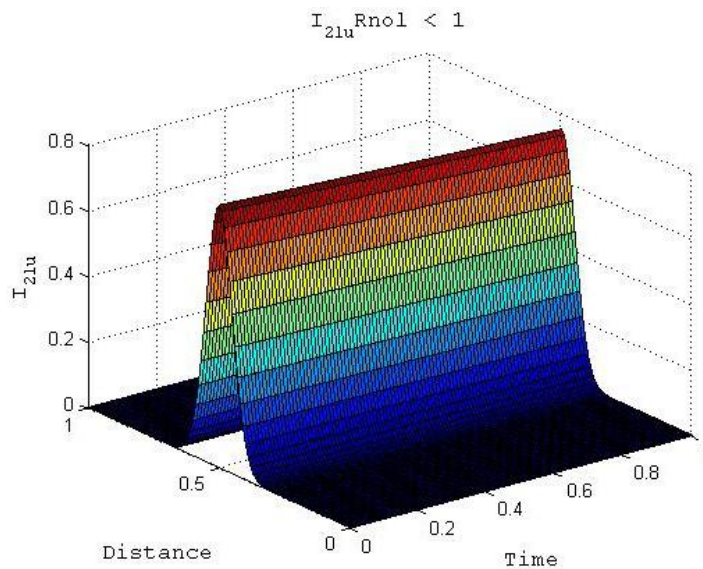


Gambar 4.7 Persistensi virus H5N1 populasi manusia pada saat $R_0 > 1$

Pada saat $R_0 > 1$, jumlah individu terinfeksi meningkat, hal ini memungkinkan jarak antara individu *susceptible* dengan individu yang terinfeksi saat berinteraksi sangat dekat, sehingga virus menular dengan sangat cepat. Dengan demikian, dapat dikatakan pada kondisi $R_0 < 1$, persistensi virus H5N1 pada manusia masih lemah (*weakly unifomly persistent*), sedangkan pada kondisi $R_0 > 1$ virus tersebut bersifat *Strongly unifomly persisten*.

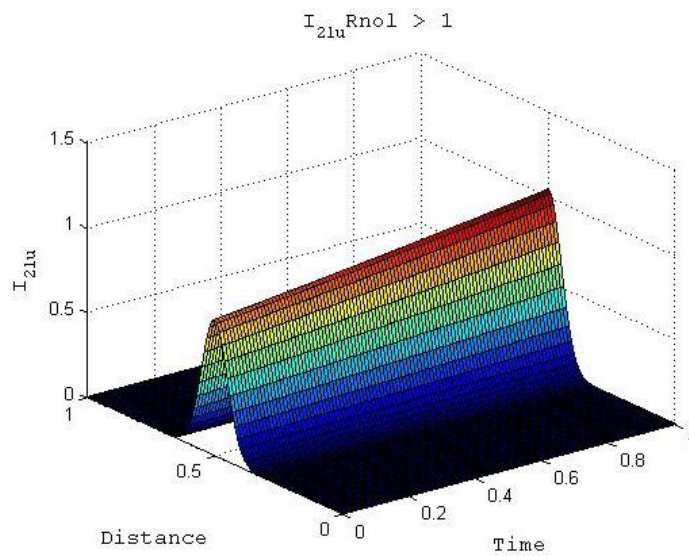
4.6.5 Simulasi Analisis Persistensi virus H5N1 pada Unggas

Sebagaimana simulasi pada analisis persistensi virus H5N1 pada manusia, hal yang sama juga terlihat pada *Gambar 4.9* dan *Gambar 4.10* yang menunjukkan persistensi virus H5N1 pada unggas.



Gambar 4.8 Persistensi virus H5N1 populasi unggas pada saat $R_0 < 1$

Pada saat $R_0 < 1$ populasi unggas yang terinfeksi meningkat, hanya saja peningkatan jumlah populasi unggas yang terinfeksi ini, lebih kecil djika dibandingkan pada saat $R_0 > 1$.



Gambar 4.9 Persistensi virus H5N1 populasi unggas pada saat $R_0 > 1$

Pada saat $R_0 < 1$ penularan virus yang terjadi relatif kecil, hal ini dikarenakan jarak antara individu susceptible dengan individu yang terinfeksi cukup jauh. Sedangkan pada saat $R_0 > 1$ terjadi penularan virus dalam jumlah yang sangat besar, dikarenakan jarak antara individu susceptible dengan individu yang terinfeksi cukup dekat. Dengan demikian dapat dikatakan pada kondisi $R_0 < 1$, persistensi virus H5N1 pada unggas lemah (*weakly unifomly persistent*) sedangkan pada kondisi $R_0 > 1$ virus H5N1 yang mewabah pada unggas bersifat *strongly unifomly persistent*.

BAB 5

KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan tujuan tesis pada Bab 1 dan pembahasan pada Bab 4, maka dapat diambil kesimpulan sebagai berikut.

1. Model Evolusi dari Model Pra-Koalisi antara Virus H1N1-p dan H5N1 didapat dengan memperhatikan perubahan genetik pada kondisi *real*-nya yang terjadi akibat adanya interaksi antar individu rentan (*Susceptible*) dan individu yang terinfeksi (*Infected*), yang dipicu oleh adanya mobilitas penduduk. Model Evolusi yang didapat, jauh lebih sederhana dibanding model sebelumnya.
2.
 - a. Sistem bersifat stabil pada saat $R_0 < 1$, yakni kondisi saat rata-rata individu yang terinfeksi menghasilkan kurang dari satu individu terinfeksi baru, atau dengan kata lain tidak terjadi penularan virus dalam sistem, sehingga tidak menyebabkan terjadinya endemik.
 - b. Sistem Tidak Stabil pada saat $R_0 > 1$, yakni kondisi saat rata-rata individu yang terinfeksi menghasilkan lebih dari satu individu terinfeksi baru, atau dengan kata lain terdapat penularan virus dalam jumlah yang sangat besar, sehingga menyebabkan terjadinya endemik, dan membahayakan kelangsungan hidup individu di dalam sistem.
3.
 - a. Virus Influenza (H1N1-p dan H5N1) *weakly uniformly persistent* pada saat $R_0 < 1$, artinya pada saat tersebut, interaksi yang terjadi antara individu *susceptible* dan terinfeksi sangat kecil, dikarenakan jarak antara individu *susceptible* dan terinfeksi cukup jauh.
 - b. Virus Influenza (H1N1-p dan H5N1) *strongly uniformly persistent* pada saat $R_0 > 1$, artinya pada saat tersebut, interaksi yang terjadi antara individu *susceptible* dan terinfeksi sangat besar, dikarenakan jarak antara individu *susceptible* dan terinfeksi cukup dekat.

5.2 Saran

Pada penulisan selanjutnya, hal yang dapat dikembangkan dari tesis ini adalah meneliti model pra koalisi antara virus H1N1-p dan H5N1 pada dua lokasi yang tidak simetri, selain itu dapat dilakukan pengkontruksian ulang dengan menambahkan parameter baru sebagai kontrol.

DAFTAR PUSTAKA

- Al Hajjar.S, Mcintosh.K. (2010), "*The first influenza pandemic of the 21st Century*". *ANN Saudi Med*, 30(1), 1 – 10.
- Boyce, W.E., and DiPrima, R.C (2009). "*Elementary Differential Equations and boundary Value Problem (Ninth ed.)*" United State of America: John Willey & Sons, Inc.
- Burden, Richard L and J. Douglas Faires (2010). "*Numerical Analysis (Ninth Ed.)*". Brooks/ Cole Cencage Learning. 895: 282-289.
- Castillo-Chavez, C., Z. Fang dan W. Huang. (2002). "*On The Computation of and Its Role On Global Stability*". *IMA Volumes in Mathematics and Its Applications*. 125:1-22.
- Driessche, P. van den and J. Watmough. (2002). "*Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission*". *Mathematical Biosciences*. 180:29-48.
- Gradshteyn, I. S. and Ryzhik, I. M. (1979), "Tables of Integrals, Series, and Products, 5th ed." San Diego, CA: Academic Press, pp. 1115-1116.
- Diakses pada: <http://archive.lib.msu.edu/crcmath/math/math/s/s543.htm>
- Hariyanto, dkk. (2013), "*The Contruction of a Model of Pre-Coalition between H1N1-p and H5N1 Influenza Virus in Indonesia*". *Jurnal Applied Mathematical Science*, vol.7 no 99, 4899-4907.
- Hariyanto, dkk. (2013), "Mengkonstruksi Model Distribusi Kontak pada Transmisi Penyebaran Virus pada 2 Lokasi Dengan Strain yang Berbeda". Seminar Nasional Matematika dan Pendidikan Matematika FMIPA UNY.
- http://en.wikipedia.org/wiki/Influenza_pandemic. diakses pada September 2015
- <http://arly912.wordpress.com/2012/11/29/artikel-flu-burung>. diakses pada September 2015.
- <http://epidemilegiunssi.blogspot.com./2011/11/swine-influenza-flebabi.html>. diakses pada April 2016.
- Munir, Rinaldi. 2010, Metode Numerik, Informatika Bandung.
- Subiono., 2013, Sistem linear dan Kontrol Optimal, Institut Teknologi Sepuluh Nopember, Surabaya.

BIOGRAFI PENULIS



Silvana Maya P., lahir pada tanggal 13 Januari 1989 di Pamekasan. Penulis merupakan anak ketiga dari lima bersaudara pasangan Bapak H. Drs. Nawawi, Amd.Pd, MM. dan Ibu Hj. Ainin Murnawati. Penulis telah menempuh pendidikan formal dari jenjang Pendidikan Dasar di SDN Bugih II Pamekasan, pada tahun 1995-2001, kemudian jenjang Menengah Pertama di SMPN 1 Pamekasan pada tahun 2001-2004 dan melanjutkan ke jenjang Menengah Atas di SMAN 1 Pamekasan pada tahun 2004-2007. Setelah itu, penulis menempuh pendidikan S1 di Jurusan Pendidikan Matematika di Universitas PGRI Adibuana Surabaya pada tahun 2007-2011. Kemudian penulis melanjutkan pendidikan melalui jalur beasiswa Pra-S2 di Pascasarjana Matematika di Institut Teknologi Sepuluh Nopember Surabaya pada tahun 2012-2013, yang kemudian pada tahun 2013-2016

melanjutkan ke program Magister dengan NRP. 1213201025. Adapun kritik, saran ataupun pertanyaan mengenai Tesis ini dapat menghubungi penulis via email: silvana89maya@gmail.com